

BAND 5

Schriftenreihe der
GUSTAV-SIEWERTH-AKADEMIE

Bruno Vollmert

Die Entstehung der Lebewesen in naturwissenschaftlicher Sicht

Darwins Lehre im Lichte der Makromolekularen Chemie

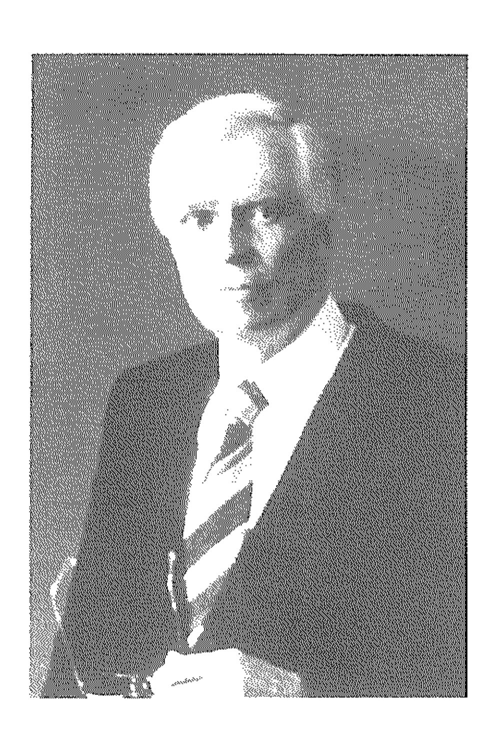
GUSTAV-SIEWERTH-AKADEMIE

Bruno Vollmert

Die Entstehung der Lebewesen in naturwissenschaftlicher Sicht - Darwins Lehre im Lichte der Makromolekularen Chemie

GUSTAV-SIEWERTH-AKADEMIE
Staatlich anerkannte Wissenschaftliche Hochschule
79809 Weilheim-Bierbronnen (Südl. Schwarzwald)

Herausgeber: Alma von Stockhausen



Prof. Dr. Bruno Vollmert

Bruno Vollmert

Die Entstehung der Lebewesen in naturwissenschaftlicher Sicht

Darwins Lehre im Lichte der Makromolekularen Chemie



GUSTAV-SIEWERTH-AKADEMIE

CIP-Titelaufnahme der Deutschen Bibliothek

Vollmert, Bruno:
Die Entstehung der Lebewesen in naturwissenschaftlicher Sicht : Darwins Lehre im Lichte der makromolekularen Chemie / Bruno Vollmert. Gustav-Siewerth-Akademie. - Weilheim-Bierbronnen : Gustav-Siewerth-Akad., 1995
(Schriftenreihe der Gustav-Siewerth-Akademie ; Bd. 5)
ISBN 3-928273-05-1

NE: Gustav-Siewerth-Akademie < Weilheim, Waldshut>: Schriftenreihe der Gustav-Siewerth-Akademie

1. Auflage 1995

Layout/Satz: JHB-Publishing
Druck: Offset Köhler, Gießen

ISSN 0939-1010 - ISBN 3-928273-05-1

An Stelle eines Vorworts

Chinas großer Lehrer Konfuzius sagt von den Alten, wenn sie die lichte Tugend offenbar machen wollten im Reiche, daß sie zuvor ihr Herz rechtschaffen machten. Wenn sie aber ihr Herz rechtschaffen machen wollten, machten sie zuvor ihre Gedanken wahrhaftig, und wenn sie ihre Gedanken wahrhaftig machen wollten, vervollständigten sie zuvor ihr Wissen.

Bruno Vollmert

Inhaltsverzeichnis

Einleitung

Seit alters her suchen denkende Menschen nach einfachen Prinzipien, die es gestatten, möglichst große Bereiche des Seins zu entschlüsseln. Und seit alters her sehen wir in diesem Bestreben oft eine ungeduldige Eile am Werke, die Zeit und Mühe scheute, zunächst einmal durch sorgfältige Beobachtungen im Kleinen und Einzelnen - dem weisen Rat des großen Lehrers folgend - das Wissen zu vervollständigen, bevor dieses durch allgemeine Theorien miteinander in Beziehung gesetzt wurde.

So zögerte Thales von Milet nicht, zu lehren, daß Wasser der Urstoff sei, aus dem sich alles gebildet habe. Oder - um ein anderes berühmtes Beispiel zu nennen - : Für Heraklit aus Ephesus war Bewegung (*panta rei*) das alles erklärende Prinzip und das unruhig sich bewegende Feuer der Urstoff, aus dem die Dinge entstehen und in die sie wieder vergehen.

So machte sich auch in der Folge jeder Philosoph sein allumfassendes Weltbild: Ohne die Mühe näherer Untersuchung und sorgfältiger Beobachtung, mit viel Phantasie und Intuition, oft genug auch unter souveräner Mißachtung gesicherter Beobachtungsdaten: Zum Beispiel führten die Pythagoreer kurzerhand eine sogenannte Gegenerde in den Reigen der Planeten (wozu auch Sonne, Mond und Erde gehörten) ein, damit die Zahl der das Zentralfeuer umkreisenden Sphären Zehn sei, nur weil 10 als die Zahl der Vollkommenheit galt. Mit ähnlich unsachlichen Argumenten wurden die wohlbegründeten, wenn auch nicht im wissenschaftlichen Sinne bewiesenen Auffassungen des Demokrit von Abdera über die atomare Struktur der Materie und das heliozentrische (man ist versucht zu sagen: das kopernikanische) Planetensystem des Aristarch von Samos (300 v. Chr.) abgelehnt. Noch Hegel, im beginnenden 19. Jahrhundert, beharrte darauf, daß es nur sieben Planeten geben könne.

Erst mit Galilei und Newton, Tycho de Brahe und Kepler wurde die sorgfältige Beobachtung, das Experiment, zum Prüfstein für wissenschaftliche Hypothesen. Wie stark aber auch weiterhin der Wunsch blieb, ein einheitliches Prinzip zur Erklärung oder wenigstens zur Beschreibung der Gesamtheit aller Naturphänomene zu besitzen, zeigt sich an der Ausweitung der durch Newton begründeten Mechanik zum mechanistischen Weltbild. Noch in der Mitte des 19. Jahrhunderts hat der berühmte Physiker Ludwig Boltzmann viel Zeit und Mühe darauf verwendet, die Elektrodynamik auf Mechanik zurückzuführen.

Sorgfältigste Untersuchung eines ganz konkreten Phänomens, nämlich die Abhängigkeit der Strahlungsenergie einer schwarzen Strahlung von der Wellenlänge im Temperaturbereich von 1000 bis 2000 Kelvin, veranlaßten Max Planck zur Einführung des Wirkungsquantums h und des Energiequants $h \cdot \nu$, das von Einstein als Lichtquant oder Photon gedeutet wurde. Heisenberg und Schrödinger entwickelten auf dieser Basis ihre Quantenmechanik.

Durch die Quantentheorie wird die Natur in zwei große Bereiche aufgeteilt, den makroskopischen, in welchem die Newtonsche Mechanik (allgemein: die klassische Physik) gilt, und den atomaren bzw. Elementarteilchen-Bereich, in welchem die Quantenmechanik gilt. Damit war der Traum von einem einheitlichen mechanistisch-deterministischen Weltbild endgültig ausgeträumt.

Wie Einstein haben alle großen Physiker bedauert, daß es bisher nicht möglich war, für die verschiedenen Naturphänomene Gravitation, elektrische und magnetische Wechselwirkung und die starke Wechselwirkung eine gemeinsame Erklärung zu finden. Um so eher wird man die Begeisterung verstehen, mit der (nicht nur bei Naturwissenschaftlern) eine Theorie aufgenommen wird, die ein Prinzip anbietet, das überall in der Natur gültig zu sein scheint, ein Prinzip, das die Einschwingdynamik eines Lasers ebenso zu erklären gestattet *[1]*[#1] wie die Entstehung erster lebender Zellen in den Ur-Ozeanen der frühen Erde *[2]* und die Entwicklung der vielen Arten von Lebewesen im Laufe der Bio-Evolution *[3]* oder die vielfältigen soziologischen Phänomene oder Entwicklungstendenzen in der Wirtschaft *[1] [4]*, wie auch, wenn man das Prinzip weit genug faßt, die Bildung der mannigfaltigen Ordnungszustände oder Strukturen im Verlauf der kosmischen Expansion seit dem Urknall. Das Prinzip heißt "Selbstorganisation" und die Theorie "Evolution".

Je größer aber die Begeisterung, desto mehr Vorsicht ist geboten nach so vielen doch eher traurigen Erfahrungen mit weltumspannenden philosophischen und wissenschaftlichen Systemen von Thales und Ptolemäus bis Newton und Planck. Die Natur tut uns nicht den Gefallen, so einfach zu sein, wie wir es gerne möchten, damit wir sie mit schönen mathematischen Gleichungen beschreiben können, - mit Weltformeln gar oder mit Mutation und Selektion oder Selbstorganisation.

Auch hier wieder ist es die sorgfältige experimentelle Untersuchung und Beobachtung bestimmter Vorgänge, nämlich chemischer Prozesse

---

#1 Kennzeichnung der Literaturstellen s. S. 75

im Verlauf der Evolution, deren Ergebnisse sich dem allgemeinen Selbstorganisationsschema nicht einordnen lassen, - unscheinbare Prozesse (gemessen an dem gewaltigen kosmischen Rahmen der Gesamt-Evolution), die daher in der ersten Heureka-Begeisterung (von der alle Suchenden, ob sie nun auf der Suche nach Gold, dem Stein der Weisen, der blauen Blume, dem Gesetz des Auftriebs - wie Archimedes - oder nach der Wahrheit unterwegs sind, bei ersten günstigen Anzeichen leicht befallen werden) einfach übersehen wurden, die aber für die Frage nach der Entstehung des Lebens von fundamentaler Bedeutung sind: Es ist der Wachstumsprozeß (die Synthese) bestimmter kettenförmiger Makromoleküle, die als Träger der genetischen Information und als Enzyme in der lebenden Zelle unentbehrlich sind, von dem hier die Rede ist.

1. Darwins Lehre wird naturwissenschaftliche Theorie

Wie die vielen Arten von Lebewesen entstanden sind, glaubt man seit Darwin sicher zu wissen: Sie haben sich durch spontan-zufällig auftretende Änderungen ihres Erbguts und natürliche Auslese (Selektion) der Tüchtigsten (Bestangepaßten) aus primitiven Urformen im Laufe einer viele Jahrmillionen währenden Generationenfolge nach und nach zu immer höheren (komplexeren) Stufen des Lebens entwickelt. Die einzelligen Urformen haben sich durch Selbstorganisation nach dem gleichen Schema von Mutation und Selektion (nun auf Molekül-Ebene) aus anorganischer Materie gebildet.

Das ist in wenigen Worten die gängige Lehrmeinung über die Entstehung der Lebewesen, die freilich solange keine naturwissenschaftliche Theorie war, solange man nicht wußte, wie es in einer Generationenfolge spontan zur Entstehung von Individuen mit veränderten erblichen Eigenschaften, zur Entstehung von Varietäten (wie Darwin sagte) kommen kann. Inzwischen weiß man, daß dieses Phänomen durch Mutationen verursacht wird, durch chemische Reaktionen an der DNS-Molekülkette nämlich, die man mit Hilfe von Formeln und Gleichungen exakt beschreiben kann, so daß heute Darwins Lehre (entgegen einer von K. Popper geäußerten Meinung *[5]*) sehr wohl eine wissenschaftlich prüfbare Theorie ist, in deren Zentrum die Frage nach der Bildung und Änderung eben dieses DNS-Moleküls steht.

Wie war es dazu gekommen?

Das Interesse der Biologen war lange Zeit auf die Lebewesen selbst, das Studium ihrer Formen und Lebensweisen und die sich daraus ergebende Systematik, die Einteilung in Stämme, Klassen und Arten, ge-

richtet. Erst seit der Wiederentdeckung der Mendel'schen Gesetze um die Jahrhundertwende fanden die Vererbungsvorgänge steigende Beachtung, und an die Stelle der Lebewesen selbst traten als Untersuchungsobjekt jetzt mehr und mehr ihre Zellen und Moleküle.

Die statistische Auswertung von Kreuzungsexperimenten hatte gezeigt, daß sich die Merkmale der Eltern nicht einzeln sondern gruppenweise kombinieren, d. h. die zu einer Koppelungsgruppe gehörenden Merkmale bleiben bei einer Folge von Generationen zusammen, - in der Regel, aber nicht immer. Durch Überkreuzverknüpfung oder crossing over *(Abb. 1)* kann es zum Austausch von Teilen solcher Koppelungsgruppen kommen. Analoge Überkreuzverknüpfungen (Chiasmata genannt) hatte man auch bei der mikroskopischen Beobachtung der Chromosomen bei der meiotischen, d. h. zur Bildung von Keimzellen führenden Zellteilung gefunden. Die somit naheliegende Gleichsetzung von crossing over und Chiasma enthält die Vermutung, daß Chromosomen die stofflichen Träger der Erbinformation sind. Chromosomen aber bestehen in der Hauptsache aus zwei Arten von Molekülen: Nucleinsäuren und Proteinen.

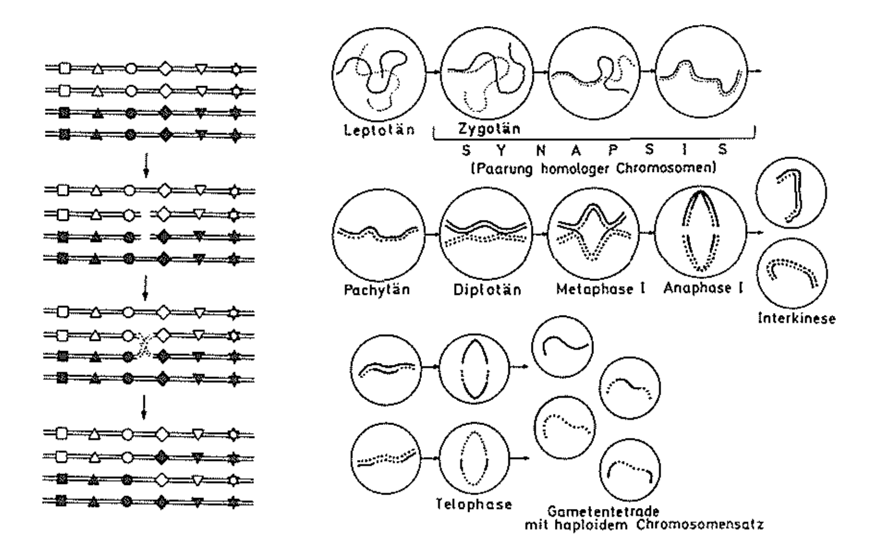


Abb. 1: Koppelungsgruppen mit crossing over *(links)* und Chromosomen bei der meiotischen Zellteilung mit Chiasma *(rechts)*.

Durch die berühmten Transformationsversuche von O. T. Avery mit Bakterien gelang 1944 der Nachweis, daß nicht Proteine, wie man bis dahin meist angenommen hatte, sondern Desoxyribonucleinsäuren

(DNS) Träger der genetischen Information sind *[6]*. Kein Wunder also, daß sich das Interesse der Biochemiker in den folgenden Jahrzehnten ganz besonders diesen Molekülen zuwandte. Man fand nicht nur bestätigt, daß die DNS-Moleküle tatsächlich die Träger der genetischen Information sind, sondern auch, wie sie diese speichern, bei der Fortpflanzung weitergeben und wie die gespeicherte Information in der Zelle ausgewertet wird, kurz: Es gelang, Struktur und Funktion des DNS-Moleküls aufzuklären. Das Ergebnis: DNS-Moleküle sind lange, kettenförmige Gebilde, Makromoleküle von der Art, wie sie auch in den bekannten Polyester-Synthesefasern (z. B. Diolen oder Trevira) vorliegen. Die Informationsspeicherung geschieht durch eine millionenfache, unregelmäßige, aber nicht beliebige Reihenfolge von vier verschiedenen Kettenbestandteilen, durch die Nucleotidsequenz, eine Schrift also, deren Buchstaben nicht auf eine Fläche geschrieben, sondern wie Perlen zu einer Schnur aufgereiht sind, wie bei den Quipus der Inkas. Die Weitergabe der Information wird durch eine sequenzkopierende Synthese bewirkt und die Auswertung besteht in einer durch die Nucleotidsequenz der DNS-Kette ermöglichten Steuerung der Aminosäuresequenz bei der Proteinsynthese.

Für die Frage nach der Entstehung des Lebens sind diese experimentellen Ergebnisse insofern von größter Bedeutung, als sie zeigen, welche Voraussetzungen auf Molekülebene für die Entstehung neuer Arten oder Klassen und von Leben überhaupt erfüllt sein müssen. Auch wenn man nicht der Meinung ist, die Existenz eines DNS-Moleküls mit einer bestimmten Sequenz in einer geeigneten Lösung von Salzen, Enzymen, etc. sei eine hinreichende Ursache[1] [#2] für die Entstehung lebender Zellen, wird man doch nicht daran zweifeln, daß Leben der uns bekannten Art ohne DNS nicht möglich ist. Daher läßt sich die Frage: "Konnten die Lebewesen von selbst entstehen?" durch die Frage ersetzen: "Konnten die die genetische Information tragenden DNS-Makromoleküle von selbst entstehen?".

Die Synthese von Makromolekülen aber ist über viele Jahrzehnte hin in vielen Forschungslaboratorien der Chemischen Großindustrie und der Universitäten experimentell und theoretisch sorgfältig untersucht worden und wird zur Produktion von Polymerwerkstoffen und synthetischen Fasern im größten Maßstab eingesetzt, so daß man mit Sicherheit beurteilen kann, unter welchen Bedingungen Synthesen von Makromolekülen[2] nach Art der DNS und der Proteine von selbst, d. h. ohne menschliches Eingreifen, möglich sind und unter welchen nicht.

#2 Hochgestellte arabische Ziffern beziehen sich auf die Anmerkungen S. 45 ff.

2. Das Makromolekül DNS: Nucleotidsequenz übermittelt Information

Im Gegensatz zu den mit überwältigender Formenvielfalt in Erscheinung tretenden Pflanzen und Tieren ist das wie alle Makromoleküle ketten- oder fadenförmige DNS-Makromolekül bei all den vielen Pflanzen- und Tierarten von gleichem Aussehen. Man kann es dem in *Abb. 2* gezeigten Ausschnitt einer DNS-Kette (es ist eine elektronenmikroskopische Aufnahme) nicht ansehen, ob er zu einer Bakterien- oder Säugetier-DNS gehört.

Auch mit mehr Details ausgestattete Modelle des DNS-Makromoleküls wie die in *Abb. 3* dargestellten lassen keine Unterschiede erkennen. Was man sieht, ist die bei der DNS aller Lebewesen gleiche, wendeltreppenartige Anordnung der Basenpaare im Innern mit dem schraubenförmigen Verlauf der zweifachen Ribosephosphatketten außen herum. Es ist das berühmte, auf den experimentellen Arbeiten von Chargaff und Wilkins beruhende Doppelhelixmodell von Watson und Crick.

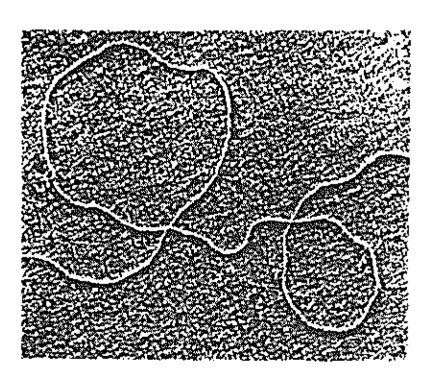


Abb. 2: Elektronenmikroskopische Aufnahme eines Teilstücks einer Phagen-DNS *[7]*

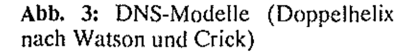
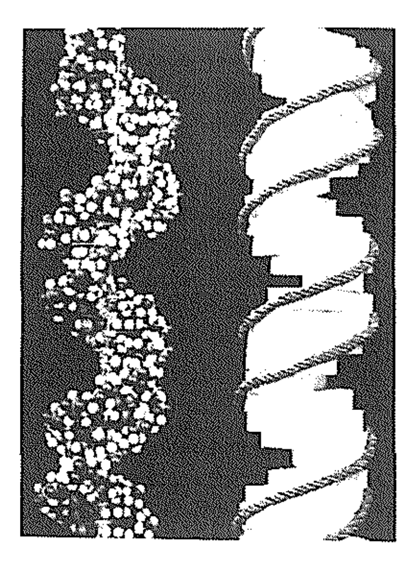


Abb. 3: DNS-Modelle (Doppelhelix nach Watson und Crick)



Die Uniformität der DNS-Makromoleküle ist indessen nur eine äußerliche. Auch eine Schriftzeile sieht, von ferne betrachtet, immer gleich aus, so verschieden auch die durch den Text ausgedrückte Aussage, Weisung oder Information sein mag. Wie bei der Schrift die Reihenfolge der Buchstaben den Text ergibt, so liefert die Reihenfolge

Abb. 4: zur Erläuterung der Begriffe "Sequenz" und "Komplementarität" - *links:* Komplementärer Doppelstrang, schematisch; *rechts:* Chemische Strukturformel eines Einzelstranges.

Adenin (A)

Cytosin (C)

Thymin (T)

Guanin (G)

Cytosin (C)

Doppelstrang

Einzelstrang

der vier Nucleotid-Kettenglieder A, T, C und G in der DNS-Kette *(s. Abb. 4)* die für ein Lebewesen lebensnotwendige und von Art zu Art verschiedene genetische Information. So eintönig-uniform die Strukturmodelle sie auch erscheinen lassen, so mannigfaltig sind DNS-Moleküle in Bezug auf ihre Nucleotidsequenz, d. h. auf die Reihenfolge ihrer Kettenbestandteile. Schon bei einer Kette aus 1500 Nucleotiden, der mittleren Länge eines Gens entsprechend, sind 10 hoch 1000 verschiedene Sequenzen möglich *[8]*. Zehn hoch 1000 ist eine unvorstellbar große Zahl, eine Eins mit 1000 Nullen. Zehn hoch 83 ist (zum Vergleich) die Anzahl der Atome des gesamten Universums.

Die Länge der DNS-Kette ist ein Maß für die Anzahl Gene, aus der sie besteht: Eine Bakterien-DNS ist ca. 1 mm lang und enthält ca. 2000 Gene; eine Säugetier-DNS ist ca. 1 m lang und bietet Platz für die Information von 2 Millionen Genen. Die in *Abb. 3* dargestellten Modelle sind also nur winzig kleine Ausschnitte. Wollte man die ganze DNS-Kette in dieser Größe maßstabgerecht darstellen, wäre das Modell einer kompletten Bakterien-DNS 20 km lang, und das Modell eines Säugetiergenoms (alle Chromosomen zusammengebunden) wäre 20 000 km lang *[9]*.

3. Auswertung und Weitergabe der Information

Die Auswertung der genetischen Information beginnt mit der Entriegelung eines die Sequenzinformation für ein bestimmtes Protein enthaltenden DNS-Kettenabschnitts, die durch das Unter- (oder Über) schreiten einer Schwellenkonzentration eines zu synthetisierenden Stoffes ausgelöst wird. Durch eine als Transcription bezeichnete Reaktion nach Art der in *Abb. 5* dargestellten Replikation wird eine Kopie des entriegelten DNS-Kettenabschnitts genommen. Dieses "Boten-RNS" genannte Kettenmolekül kann die Kernmembran passieren und gelangt zu einem der zahlreichen, an einer das Zellplasma durchziehenden Membran sitzenden, aus RNS und Proteinmolekülen bestehenden Ribosomen, dem Ort der Proteinsynthese[3].

Die Weitergabe der genetischen Information vor jeder Zellteilung geschieht durch eine kopierende Synthese, die als semikonservative Replikation bezeichnet wird *(s. Abb. 5)*.

Die Doppelhelix wird unter dem Einfluß von Enzymen entdrillt, und an die so freigelegten Einzelstränge lagern sich die in der Zellkernflüssigkeit gelösten Nucleotidmoleküle an, aber nicht in beliebiger, sondern in der von den freigelegten Matrixsträngen vorgezeichneten Reihenfolge. Die Nucleotid-Kettenbauteile sind nämlich so beschaffen,

daß nur die komplementären Kombinationen A-T und C-G eine stabile Haftung ergeben, so daß sich nur komplementäre Nucleotide zur neuen Kette verbinden können. Auf diese Weise entstehen bei der Synthese aus einem Matrixdoppelstrang zwei Tochterdoppelstränge mit je einem alten und einem neugebildeten Strang und der gleichen Nucleotid-Reihenfolge wie in der Matrix-Doppelhelix *[11]*.

Abb. 5: Sequenzgetreue Molekülverdoppelung durch semikonservative Replikation *[10]*

Die sequenzkopierende DNS-Synthese kann man bei geeigneter Präparation im Elektronenmikroskop sehen. *Abb. 6* zeigt eine ringförmige DNS mit zwei durch Pfeile gekennzeichneten Replikationsgabeln.

Abb. 6: Ringförmige DNS-Kette eines Phagen im Stadium der Replikation *[12]*. Die Pfeile weisen auf die Replikationsgabeln hin.

4. Neue Arten durch Mutation - Selektion?

Diese Synthese setzt das Vorhandensein einer Matrix-DNS voraus, die wie eine Schablone wirkt, so daß die vorliegende Sequenz von Generation zu Generation weitergegeben wird, - dies zwar mit großer Präzision, aber doch nicht absolut fehlerfrei.

Es kann bei der Replikation spontan oder unter der Einwirkung von Strahlen oder Chemikalien zu fehlerhafter Basenpaarung kommen und damit zu einer fehlerhaft veränderten Nucleotidreihenfolge in den Tochtersträngen, die (wenn sie sich bei der zur Bildung von Geschlechtszellen führenden meiotischen Zellteilung ereignet) in aller Regel das Auftreten von Mutanten[4], d. h. Individuen mit erblich veränderten Eigenschaften, zur Folge hat, ohne daß dabei die Länge der DNS-Kette verändert wird.

Das Auftreten neuer Stämme und Klassen von Lebewesen im Laufe der Erdgeschichte aber ist begleitet von einem starken Kettenwachstum[5] *(Abb. 7)*, das nicht durch Mutationen, d. h. durch Änderung der Nucleotid-Reihenfolge in vorhandenen Genen, sondern nur durch Entstehung und Addition zahlreicher neuer Gene realisiert werden konnte, durch Polykondensation, wie der Fachausdruck heißt.

Ob Mutation oder Polykondensation, - nicht auf den Namen kommt es an, sondern auf den Sachverhalt, auf den grundverschiedenen Charakter der beiden Reaktionen nämlich - : Bei der einen, der Mutation, entstehen Mutanten, Individuen mit erblich veränderten Eigenschaften aber gleichgebliebener Länge ihrer DNS, bei der anderen, der Kettenverlängerung durch Polykondensation, dagegen nicht *(Abb. 8)*.

Warum ändern sich durch einzelne, neu an eine wachsende DNS-Kette angehängte Gene[6] die Eigenschaften der betroffenen Individuen nicht?

1. Weil durch Kettenverlängerungs- oder Polykondensationsschritte das im Einsatz befindliche Genom völlig unverändert bleibt.

2. Weil für die Ausprägung einer neuen, testbaren Eigenschaft auf dem Wege zu einer neuen Art oder Klasse, d. h. durch Kettenverlängerung und nicht durch bloße Sequenzveränderung in der schon vorliegenden Kette, das Zusammenwirken zahlreicher neuer Gene erforderlich ist, d. h. eine DNS-Kette kann erst dann zum Genom werden, wenn ihre Genfolge cooperativ[7] ist.

Abb. 7: Zunahme der DNS-Kettenlänge[5] im Laufe der letzten Milliarden Jahre *[13]*.

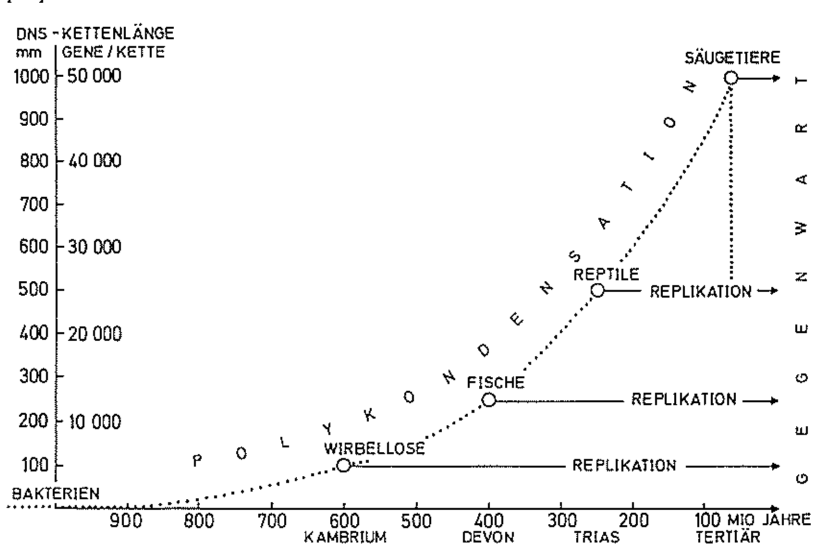


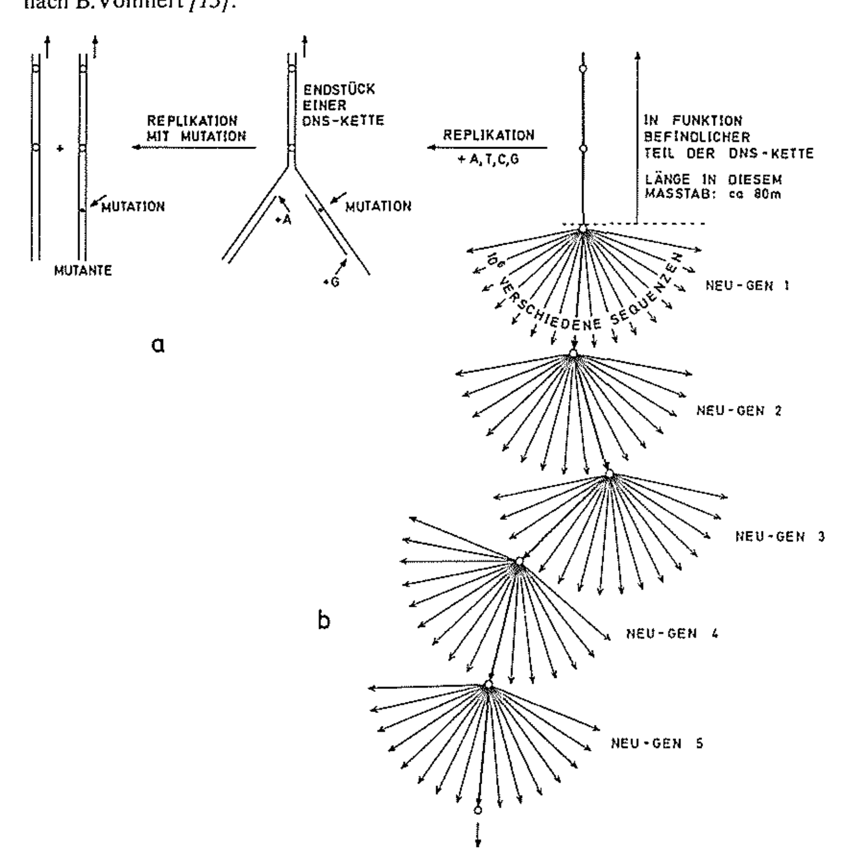
Abb. 9 zeigt diese durch die experimentellen Erfahrungen der Biochemie immer wieder bestätigte Aussage am Beispiel der Biosynthese der Aminosäure Phenylalanin. Man sieht, daß die Synthese über 9 Reaktionsstufen verläuft, von denen jede einzelne nur dann ablaufen kann, wenn das speziell für diese Stufe zuständige Enzym und das die Synthese dieses Enzyms ermöglichende Gen verfügbar sind, d. h. die Aminosäure Phenylalanin ist erst dann einsatzbereit, wenn alle 9 für die jeweiligen Reaktionsstufen passenden Gene da sind.

Die Zahl der Reaktionsstufen einer Synthese ist von Stoff zu Stoff verschieden, wie das in *Abb. 9* unten angeführte Beispiel der Gallensäuren zeigt, die über 20 Stufen verläuft.

Grundsätzlich und generell gilt, daß schon für die Entstehung *eines* neuen, physiologisch bedeutsamen Stoffes die Entstehung von 5 bis 20 neuen Genen erforderlich ist, von denen sich keines phänotypisch manifestieren kann, bis alle vollzählig sind[9] - und nicht einmal dann.

Für neue Stoffe gilt nämlich dasselbe wie für einzelne neue Gene: Allein und einzeln sind sie zu totaler Unwirksamkeit verurteilt, weil alle Stoffe Komponenten von Organen oder Glieder von biochemischen Cyclen, an deren Funktion Hunderte von verschiedenen Stoffen beteiligt sind, darstellen.

Abb. 8:
(a) Mutation[8] durch Änderung der Nucleotid-Reihenfolge im Bereich eines in Betrieb befindlichen Genoms, wobei die Kettenlänge unverändert bleibt,
(b) Kettenwachstum durch Addition neuer Gene[6], wobei die Sequenz des abgelesenen Genoms unverändert bleibt;
nach B.Vollmert *[13]*.



Alle diese für die Entstehung einer neuen Tierklasse (oder eines testbaren Zwischengliedes) notwendigen neuen Stoffe sind in ihrer Wirkung nicht einzeln testbar, so daß ihre Entstehung nicht durch Selektion zu kontrollieren ist. Das heißt: Eine zufällig einmal entstandene kooperative Genkette hat vor unbrauchbaren DNS-Kettenstücken solange keine Selektionsvorteile, bis sie so lang ist, daß ein erstes Exemplar einer neuen Klasse (oder auch ein ausnahmsweise einmal lebensfähiges Zwischenglied, das nur deshalb keinen eigenen Namen hat,

Abb. 9: Beispiele für Synthesen von biologisch relevanten Stoffen in der lebenden Zelle nach Karlson *[14]*:
(1) Biosynthese der Aminosäure Phenylalanin (9 Stufen)
(a) Schema - *(b)* Formeln
(2) Biosynthese der Gallensäuren.

(1)

(a)

A + B —ENZYM ①→ C —ENZYM ②, $-H_2O$→ D —ENZYM ③→ E —ENZYM ④, + ATP→ F —ENZYM ⑤, + Ⓟ→ G —ENZYM ⑥, -Ⓟ→ H —ENZYM ⑦→ I —ENZYM ⑧, $-H_2O$, $-CO_2$→ K —ENZYM ⑨→ AMINO-SÄURE

(b)

Erythrose-4-phosphat + Brenztraubensäure → Dehydrochinasäure —$-H_2O$→ Dehydroshikimisäure → Shikimisäure —+ATP→ -Phosphat —+ Phosphoenolpyruvat→ -Enoläther —Ⓟ→ Chorisminsäure → Prephensäure —$-H_2O$, $-CO_2$→ Phenylpyruvat → Phenylalanin

(2)

3 Essigsäure → β-Hydroxy-β-methyl-glutarsäure → Mevalonsäure → Mevalonsäure-diphosphat → Isopentenyl-diphosphat → Geranyl-diphosphat → Geranyl-kation → Farnesyl-diphosphat → Praesqualen-diphosphat → Squalen → 2,3-Oxidosqualen → Hydroxysqualen → [Praelanosterin] → Lanosterin → Cholesterin → 7α-Hydroxy-cholesterin → Koprostan-3α, 7α-diol → Koprostan-3α, 7α, 12α-triol → Cholsäure → Glyko-cholsäure

└→ Desoxy-cholsäure → Glyko-desoxycholsäure

weil es nicht gefunden wurde) entstehen und sein Glück im Leben versuchen kann und im Kampf ums Dasein testbar wird.

Das Fazit: Mutationen (spontan-zufällig[10] auftretende Sequenzänderungen in vorhandenen, abgelesenen Genen) haben zwar das Auftreten von Mutanten und damit Selektion zur Folge, führen aber nicht zu neuen Klassen (da die DNS-Kettenlänge unverändert bleibt), sondern zur Bildung von mehr oder weniger breiten Mutantenverteilungen, wodurch die Anpassungsfähigkeit an veränderte Umweltbedingungen erhöht und somit die vorhandenen Arten stabilisiert werden. Polykondensationsschritte andererseits, d. h. Kettenverlängerungen durch Addition von neuen Genen (z. B. durch Rekombination bei illegitimem crossing over[6] und mutative Umwandlung der Doppelgene), die zur Entstehung neuer Klassen von Lebewesen oder von Zwischenstufen notwendig sind, können sich als Einzelschritte nicht phänotypisch manifestieren und bieten somit keine Selektionsmöglichkeit.

Damit scheidet das Darwin-Schema[4] von Mutation und Selektion als Erklärung für das Entstehen neuer Klassen aus, denn die zufällige Von-selbst-Entstehung einer cooperativen, Leben ermöglichenden Nucleotidsequenz ohne Selektion ist extrem unwahrscheinlich.

5. Wie wahrscheinlich ist zufälliges Entstehen cooperativer[7] Genfolgen ohne Selektion? - Wie wahrscheinlich das Entstehen neuer Klassen von Lebewesen?

Niemand kann wissen, wieviele von den 10^{700} maximal möglichen Nucleotidsequenzen einer DNS-Kette in Genlänge für irgendeine cooperative, d. h. in den jeweiligen "Kontext" passende Enzymfunktion geeignet ist, aber man weiß, daß es in einem Säugetierorganismus mindestens 10 000 in ihrer biologischen Funktion verschiedene Proteine und somit auch sequenz- und wirkverschiedene Gene gibt, von denen in irgendeiner gegebenen Evolutionssituation immer gerade nur eines brauchbar war. Somit ist die Wahrscheinlichkeit, daß dieses eine unter mehr als 10 000 möglichen durch eine Folge von durchschnittlich 750 zufälligen chemischen Reaktionen[#3] entsteht, höchstens 1 : 10 000 oder 10^{-4}. Und die Wahrscheinlichkeit, daß dieses Ereignis zehnmal "hintereinander" eintritt, d. h. so, daß eine Folge von 10 Genen entsteht, die über ein als Operon bezeichnetes Regelsystem gekoppelt

---

#3 Damit aus einem z. B. gemäß *Abb. 18* an eine DNS-Kette angehängten Doppelgen (Länge: ca.1500 Nucleotide) ein neues Gen wird, muß wenigstens eine Sequenz verändert werden, und maximal sind 1500 Sequenzänderungen möglich, also 750 im Mittel (ohne Berücksichtigung von Rückmutationen).

sind, ist 10 hoch minus 4 hoch 10, gleich 10^{-40} (so wie die Wahrscheinlichkeit, mit zwei Würfeln im Becher zwei Sechsen zu würfeln, 1/6 hoch 2 oder 6^{-2} ist).

Allgemein gilt daher für die Wahrscheinlichkeit W_n einer zufälligen Entstehung einer DNS-Kette mit n Genen in cooperativer Sequenz:[7]

$$W_n = (1/10^4)^n \qquad \text{(Gleichung 1)}$$

wenn $1/10^4$ die Wahrscheinlichkeit für die Addition eines brauchbaren Gens ist.

Demgemäß ist 10^{-40} die höchste denkbare, sich an Fakten orientierende Wahrscheinlichkeit dafür, daß zufällig einmal in einer Zelle eine DNS-Kette entsteht, die in der Lage ist, die Synthese eines neuen, biologisch relevanten Stoffes[9] wie die einer Aminosäure oder eines Farbstoffes oder eines Vitamins zu ermöglichen.

Wieviele neue Gene erforderlich sind, damit eine signifikante, testbare, und damit Selektion ermöglichende neue Eigenschaft in Erscheinung tritt, kann man nur abschätzen, wenn man die Bio-Evolution in DNS-Wachstumsabschnitte einteilt, die etwa dem Auftreten neuer Tierstämme und -klassen entsprechen *(s. Abb. 10)*.

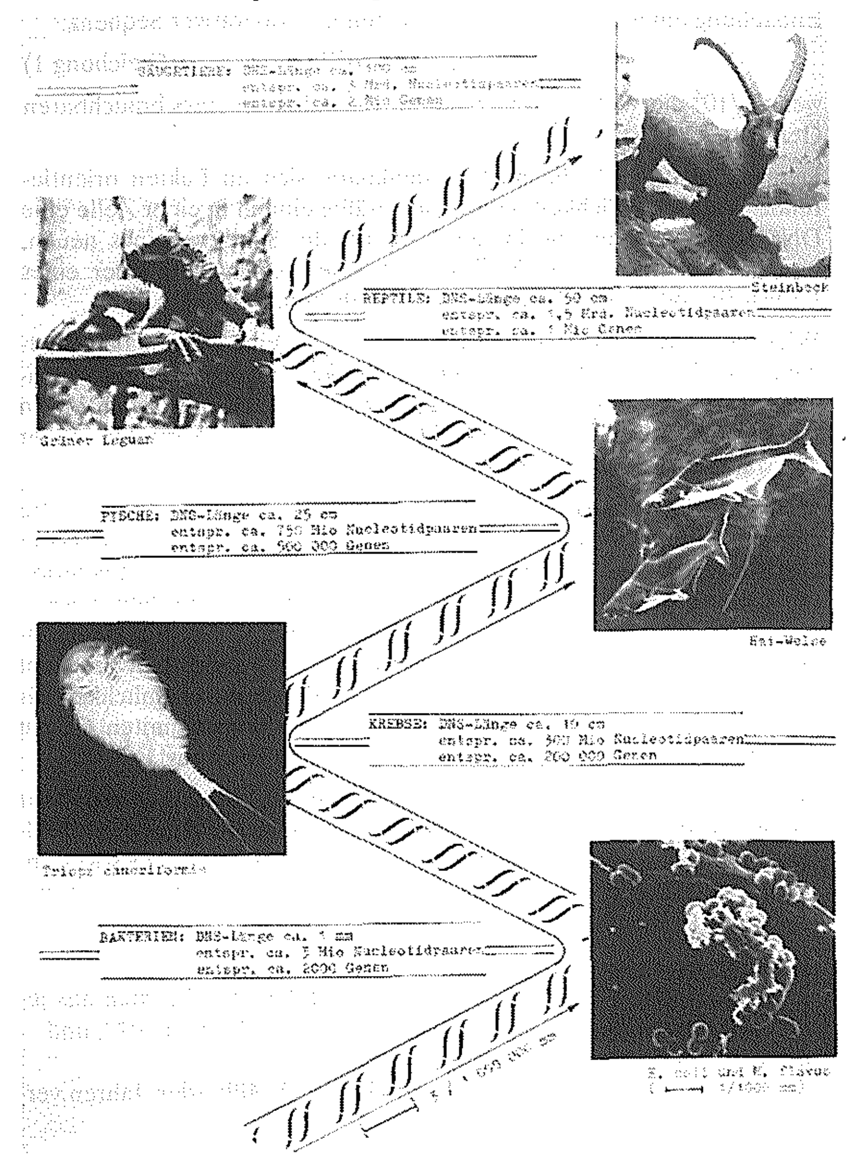
Man darf davon ausgehen, daß ein Säugetiergenom aus einer Kette von ca. 50 000 zur Proteinsynthese genutzten Genen besteht. Dann entfällt auf jede der fünf großen Entwicklungsstufen der Bio-Evolution im Mittel ein DNS-Kettenabschnitt von 10 000 Genen. Selbst wenn man annimmt, daß es zwischen diesen sogenannten Großen Übergängen im Mittel je 10 nicht auffindbare (und im Grunde auch gar nicht denkbare) Zwischenglieder gegeben hat, ist die Wahrscheinlichkeit für die zufällige Entstehung von 1000 aufeinander abgestimmten Genen unsagbar gering, nämlich 1 : 10^{4000} (n = 1000 in Gleichung 1).

Das würde bedeuten, daß im Mittel unter 10^{4000} Lebewesen mit einer durch statistische Addition um 1000 neue Gene verlängerten DNS-Kette nur eines wäre, bei dem dieses neu angewachsene DNS-Kettenstück eine richtige, nämlich cooperative[7]; "in den Kontext passende" Nucleotid-Reihenfolge hätte. - Zum Vergleich:

Die Zahl der Atome
des gesamten Weltalls mit seinen 10 Milliarden Galaxien aus jeweils 100 Milliarden Sternen ist im Vergleich dazu nur 10^{83}, und

die Anzahl Sekunden,
die seit der Entstehung des Weltalls vor 20 Milliarden Jahren verflossen sind, beträgt 10^{18}.

Abb. 10: Zunahme der DNS-Kettenlänge in 5 Stufen als Voraussetzung für die Entstehung neuer Tierklassen.
Zur Abschätzung der Wahrscheinlichkeiten für die zufällige Entstehung eines neuen, phänotypisch testbaren DNS-Kettenstücks wurden 10 Selektion ermöglichende Zwischenstufen pro Stufe angenommen.



Für Leser, die mit den Dimensionen des Weltalls keine rechte Vorstellung verbinden, liegt folgender Vergleich nahe: 1 : 10^{4000} ist die gleiche Wahrscheinlichkeit wie die, 5000 Mal hintereinander eine Sechs zu würfeln. Die Chance für einen Volltreffer im Lotto (Größenordnung 1 : 10^{8}) entspricht der Wahrscheinlichkeit, 10 Mal hintereinander 6 zu würfeln.

Und dieses so ungeheuer unwahrscheinliche Ereignis der zufälligen Entstehung einer DNS-Kette mit 1000 cooperativen Genen müßte sich bis zur kompletten Säugetier-DNS hin 50 Mal ereignet haben.

Um möglichen Mißverständnissen vorzubeugen, möchte ich anmerken, daß diese Abschätzung der Wahrscheinlichkeiten keineswegs davon ausgeht, daß unter den 10^{700} möglichen Sequenzen eines DNS-Kettenstücks in Genlänge[#4] jeweils immer nur eine richtige (cooperative) wäre. Vielmehr nehme ich an, daß alle 10^{700} Sequenzen im Lebensprozeß brauchbar sind, und zwar so, daß es unter den 10^{700} möglichen jeweils 10^{696} cooperative, gegeneinander austauschbare Sequenzen gibt, d. h. solche, die zu Proteinen mit der gleichen enzymatischen Wirksamkeit führen.

Diese Annahme, die darauf hinausläuft, daß im Mittel jede zehntausendste Nucleotidsequenz die Synthese eines Proteins mit den gleichen Eigenschaften bewirkt, ist mit Sicherheit viel zu optimistisch, d. h. es wird mit Sicherheit unter 10^{700} möglichen viel weniger als 10^{696} cooperative Gene geben. Da wir aber nicht wissen können, wieviele es wirklich sind, sondern nur wissen wieviele verschiedene Proteine ein Säugetiergenom mindestens enthält, müssen wir uns mit der Aussage zufrieden geben, daß die Wahrscheinlichkeit für die zufällige Addition eines cooperativen neuen Gens kleiner als 1 : 10 000, gleich 10^{-4} und die Wahrscheinlichkeit für das zufällige Entstehen einer Genfolge, die die stoffliche Voraussetzung für die Entstehung eines im Lebenskampf testbaren neuartigen Lebewesens darstellt, kleiner als 1 : 10^{1000} sind.[12]

Solche Wahrscheinlichkeiten wurden von kompetenter Seite nicht zu Unrecht als Zahlenorgien bezeichnet *[15]*. Es sind die Wüsten, in denen Darwins Lehre versickert, wenn man sie als erdgeschichtliches DNS-Kettenwachstum zu Ende denkt.

#4 Die DNS-Kettenlänge eines Gens beträgt im Mittel ca. 1500 Nucleotide. Dann ist die Anzahl der möglichen verschiedenen Sequenzen 4 hoch 1500 oder ca. 10 hoch 700.

6. "Evolutionsstrategie": Ohne Test der Einzelschritte keine Selektion

Zwei chemische Prozesse sind bestimmend für die Existenz der genetischen Information: Polykondensation (durch die die DNS-Kette entsteht) und Mutation (durch die sie verändert wird). Beim Letzteren, der Mutation, genügt eine einzige sich zufällig ereignende chemische Reaktion, um gravierende Eigenschaftsänderungen zu bewirken und den Selektionsprozeß zu ermöglichen. Beim erstgenannten Prozeß, der Polykondensation, sind Tausende von einzelnen chemischen Reaktionen erforderlich, damit eine Folge von neuen Genen entsteht, ohne daß dadurch eine Eigenschaftsänderung bewirkt und Selektion ermöglicht wird.

Damit habe ich gezeigt, warum Selbstorganisation (Mutation-Selektion) nicht zur Entstehung neuer Arten und Klassen, sondern stets nur zur Stabilisierung bestehender Arten führen kann, insofern diese als Varietäten- oder Mutantenverteilung (oder -schar) flexibler auf Änderungen der Lebensbedingungen reagieren können.

Will man sich das an einem mechanischen Modell klarmachen, eignet sich dazu ein von I. Rechenberg ausgedachtes und als Evolutionsstrategie bezeichnetes Optimierungsverfahren für technische Systeme. *[16]*

Man stelle sich zum Beispiel eine Reihe von 6 bis 8 parallel angeordneten und durch Scharniere längsseitig verbundenen Lamellen (Leisten, Brettern) vor. Durch meßbare Verstellung der Winkel, die die Lamellen gegeneinander bilden, kann man die Wölbung oder Unebenheit der von den Lamellen gebildeten Gesamtfläche bis hin zur ebenen Platte (wenn alle Winkel auf 180°C eingestellt sind) variieren. Diese je nach Winkeleinstellung mehr oder weniger stark gebogene Fläche wird im Windkanal so angeblasen, daß der Anblaswiderstand gemessen werden kann: Flache Einstellungen ergeben einen geringeren, wellig gebogene einen höheren Widerstand.

Zur Simulation einer durch Mutation und Selektion bestimmten "Evolution" geht man von einer Winkeleinstellung mit hohem Anblaswiderstand aus und definiert als fittest oder bestangepaßt eine Einstellung mit möglichst geringem Anblaswiderstand. Mutationen sind hier die Winkeländerungen, die als Zufallsereignisse mit einer Zufallsmaschine nach Art der Lotto-Trommel ermittelt werden. Erweist sich eine Winkeländerung bei der Prüfung im Windkanal als ungünstig (höherer Anblaswiderstand), wird sie rückgängig gemacht (Mutante stirbt aus). Ergibt der Selektionstest im Windkanal einen geringeren Anblaswider-

stand, wird die Winkeländerung beibehalten (Mutante ist überlebenstüchtig) und die nächste zufällige Winkeländerung wird ermittelt.

Von welchen Ausgangspositionen man auch ausgeht, immer erhält man nach einigen hundert "Mutationen" mit anschließender Selektion im Windkanal eine nahezu ebene Platte als Lamellenanordnung mit dem geringsten Anblaswiderstand.

Das Beispiel ist ein typischer Modellfall für Arterhaltung (kein einziges Konstruktionsmerkmal der Vorrichtung hat sich geändert) durch Eigenschaftsoptimierung, ermöglicht durch die Selektion der Winkeländerungen mit Hilfe des Windkanaltests. Würde nicht jede vorgenommene Zufalls-Winkeländerung eine auf ihren Evolutionswert testbare Eigenschaftsänderung zur Folge haben, gäbe es keine Selektionsmöglichkeit. Dasselbe gilt auch für die biologische Evolution. Wo testbare Eigenschaftsänderungen fehlen (wie bei der DNS-Kettenverlängerung durch Anwachsen von Genen oder Genfolgen) kann es keine Selektion geben.

Wollte man den Übergang von einer Tierklasse zur nächsthöheren durch ein mechanisches Modell veranschaulichen, könnte man an die Entwicklung eines Flugzeugs aus einem Automobil durch zufällige Änderungen an Motor und Karosserie denken. Selbst wenn alle Hilfsmittel wie Werkzeuge und neue Bauelemente wie Schrauben, Rohre, Bleche, Schläuche bereitgestellt würden, könnte die Zufallsmontage nicht gelingen, weil es keine Testmöglichkeit nach jedem blind-zufällig vorgenommenen Montageschritt gibt, gleichgültig, ob man sich die Zufallsmontage durch direktes Zugreifen von Mechanikern oder über zufällige Änderungen eines Computerprogramms ausgeführt denkt, auf die Testmöglichkeit nach jedem Schritt kommt es an. Und diese ist bei allen Zwischenstufen solange nicht gegeben, bis sie flugfähig sind, d. h. die Umwandlung weitgehend perfekt ist.

Genau so bei der Bio-Evolution: Lebewesen irgendwo zwischen Saurier und Vogel wären hilflose Nicht-mehr- und Noch-nicht-Wesen gewesen. Fliegen kann man nur in der Luft lernen und Flügel nur in der Luft testen. Beides aber geht nur dann, wenn die Aus- oder Umrüstung eines Organismus so weit fortgeschritten ist, daß ein Flugtest möglich ist, d. h. wenn alle die vielen, mehr als 1000 dafür notwendigen neuen Gene verfügbar sind.

Flugzeuge sind durch planmäßiges Konstruieren entwickelt worden, und nicht anders war es bei der Entwicklung neuer Klassen von Lebewesen, denn die Wahrscheinlichkeit, daß 1000 und mehr Gene mit cooperativer[7] Nucleotidsequenz von selbst, d. h. durch zufällige Pro-

grammänderungen und Ergänzungen entstehen, ist praktisch gleich Null.

7. Leben durch Selbstorganisation der Materie?

Die Artenbildung setzte auf unserer Erde vor ungefähr 500 Millionen Jahren ein. Leben in Form von Einzellern gab es indessen schon seit 3 oder gar 4 Milliarden Jahren. Das Thema "Entstehung des Lebens" umfaßt daher nicht nur die Entstehung der Arten, die Bio-Evolution, sondern auch die Entstehung der ersten lebenden Zelle und die Bildung der für die Existenz lebender Zellen notwendigen Makromoleküle (DNS und Proteine) aus kleinen, auf der frühen Erde verfügbaren Molekülen, - die präbiotische Evolution.

7.1 Selbstorganisation von A bis O - warum dann nicht bei DNS-Ketten?

Der Gedanke an eine Entstehung des Lebens durch Selbstorganisation lebloser Materie war aus zwei Gründen naheliegend:

Erstens sind alle Evolutionsstufen von der Urexplosion vor 10 oder 20 Milliarden Jahren bis zu den Aminosäuren der frühen Erde das Ergebnis von Selbstmontage-Prozessen, als solche daran zu erkennen, daß sie reversibel oder beliebig oft wiederholbar sind: So die Bildung von Atomen aus Atomkernen und Elektronen bei Temperaturen um 50 000°C, so auch die Bildung von Molekülen durch Assoziierung von mehreren bis vielen gleich- oder verschiedenartigen Atomen bei Temperaturen unter 400°C und die Bildung von Kristallen aus Flüssigkeiten und Gasen bei Temperaturen unter 200°C. Warum soll daher ausgerechnet die Bildung von kettenförmigen Makromolekülen aus kleineren Molekülen mit zwei Haftstellen nicht zwangsläufig von selbst (durch Selbstorganisation oder Selbstmontage) verlaufen?

Zweitens spricht nichts dagegen, zu versuchen, den Darwinschen Selbstorganisationsmechanismus (Mutation-Selektion), der sich bei der Bio-Evolution scheinbar so glänzend bewährt hatte, auch auf Moleküle zu übertragen. Tatsächlich hat dieser Gedanke einige Forscher so fasziniert, daß sie viel Mühe darauf verwendet haben, geeignete Mechanismen auszudenken und auszuarbeiten *[2]*.

Selbstorganisation oder Selbstmontage[13] im Sinne eines thermoreversiblen Vorgangs wie z. B. die Kristallbildung aus einer Lösung oder Schmelze ist nur deshalb möglich, weil die sich von selbst bildenden

Anordnungen von Atomen in Molekülen oder Molekülen in Kristallen durch Energieminima stabilisiert sind und deshalb vor anderen denkbaren Anordnungen bevorzugt entstehen. Dagegen sind alle denkbaren Nucleotid- oder Aminosäuresequenzen energetisch völlig gleichwertig, so daß es keine Sequenzen gibt, die sich aufgrund einer größeren Stabilität bevorzugt bilden können. DNS-Moleküle mit verschiedener Reihenfolge ihrer vier verschiedenen Nucleotide haben nur insofern eine verschiedene Stabilität, als die durch ihre genetische Information geprägten Lebewesen in einer gegebenen Umgebung mehr oder weniger große Überlebenschancen besitzen, so daß als Mechanismus einer biologischen Selbstorganisation tatsächlich nur der Darwin-Mechanismus der Selektion in Frage kommt.

Was ich dazu unter dem Gesichtspunkt von Kettenwachstum und Nucleotidsequenz gesagt habe, gilt für das erste DNS-Kettenstück von den einzelnen Nucleotiden bis zur Länge eines Bakteriengenoms (1 mm, entsprechend ca. 2000 Genen pro Kette) genauso wie für das die Entstehung neuer Klassen begleitende Wachstum von 1 mm bis 1 m DNS-Kettenlänge, daß nämlich wegen fehlender Testmöglichkeit für die Eignung neu an die Kette addierter Gene keine Selektion stattfinden kann.

7.2 Das Besondere des ersten Wachstumsabschnitts

Die Besonderheit des ersten Wachstumsabschnitts liegt darin, daß sich die Polykondensation nicht im Innern einer Zelle oder eines Zellkerns vollzog, sondern in den Urozeanen der frühen Erde.

Lebende Zellen sind in der Lage, nicht nur die für die Synthese der Protein- und DNS-Makromoleküle notwendigen Ausgangsstoffe, die Aminosäuren und die Nucleosidtriphosphate, herzustellen, sondern auch die Makromoleküle selbst. Das geschieht mit Hilfe äußerst komplizierter Vorrichtungen und Mechanismen, die es der Zelle erlauben, mit Hilfe von biokatalytisch wirksamen Proteinen (Enzymen) die genetische Information zu erhalten, zu kopieren und auszuwerten.

In den Urozeanen der frühen Erde gab es das alles zunächst noch nicht: nicht die lebenden Zellen und nicht ihre Makromoleküle und folglich auch nicht die Enzyme, die in der Zelle die Polykondensation (die Kettenbildung aus den kleinen Aminosäure- bzw. Nucleotidmolekülen) ermöglichen.

Das zentrale Problem des ersten Wachstumsabschnitts ist daher die erstmalige Bildung der langen Kettenmoleküle, die in der Lage sind, sich selbst sequenzgetreu zu reproduzieren und diese Reaktion zu ka-

talysieren. Problematisch ist diese Kettenbildung deshalb, weil sie als Selbstorganisation in einem völlig ungeeigneten Medium, sogenannten Ursuppen, hätte stattfinden müssen. Ungeeignet war dieses Medium,

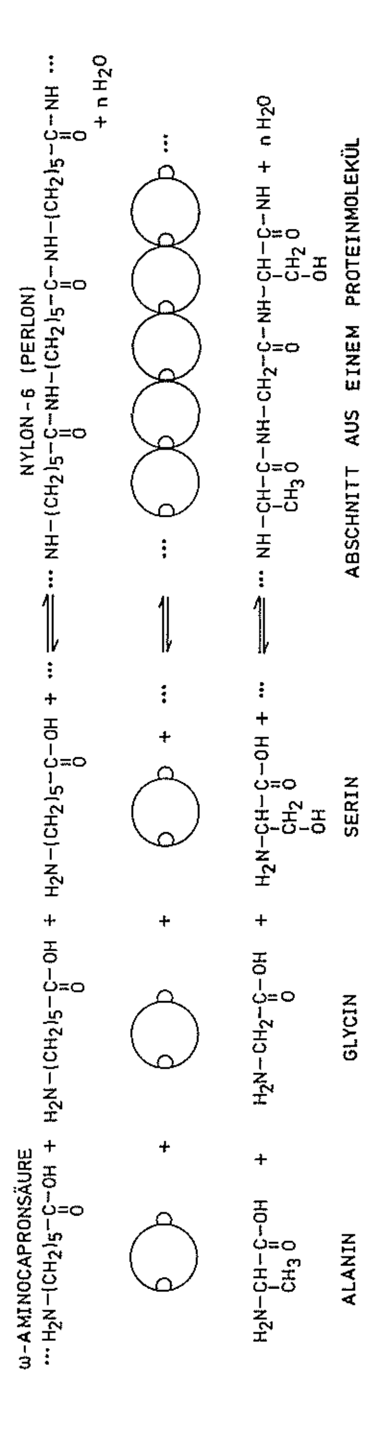
1. weil es einen großen Überschuß an kettenabbrechenden Molekülen enthielt und
2. weil die Kettenmoleküle schutzlos dem Angriff des Wassers bzw. einer wässrigen Ammoniumformiatlösung ausgesetzt waren.

7.2.1 Bifunktionalität als Voraussetzung für Kettenwachstum

DNS ist ein Polyester mit der prinzipiell gleichen Kettenstruktur wie die synthetischen Fasern Diolen und Trevira, und Proteine sind Polyamide wie Nylon, dessen Synthese in *Abb. 11* mit der eines Proteins verglichen ist. Carboxylgruppen (-COOH) und Aminogruppen ($-NH_2$) sind Haftstellen, d. h. sie ergeben beim Zusammenstoß der Moleküle eine feste Bindung. Wenn daher alle im Reaktionsraum befindlichen Moleküle zwei solche Haftstellen besitzen, in der Bildmitte durch Modellkugeln mit zwei Druckknöpfen dargestellt, entsteht eine lange Kette, - dann, aber auch nur dann. Wenn nämlich monofunktionelle Moleküle, d. h. solche mit nur einer Haftstelle anwesend sind, und sei es auch nur in geringen Mengen, ist die Polykondensation gestört bis völlig blockiert *(s. a. Abb. 13)*.

Abb. 11b zeigt die Kettenbildung durch Polykondensation am Beispiel der Polyester-Synthese: oben wieder eine Kunststoff-Synthese, unten die ganz analog verlaufende DNS/RNS-Synthese und in der Mitte die Darstellung beider Synthesen durch Kugelsymbole mit Druckknöpfen. Zum Unterschied zu *Abb. 11a* sind hier die Haftstellen (Druckknöpfe) so verteilt, daß je zwei gleiche an einem Molekül sitzen: Das Nucleosidmolekül (N) hat zwei OH-Gruppen und das Phosphorsäuremolekül (P) hat zwei (aktive) Säuregruppen, die mit den OH-Gruppen unter Ausbildung von Esterbindungen reagieren. Das kann so geschehen wie in *Abb. 11b* dargestellt; es kann aber auch zunächst je ein Molekül N mit je einem P-Molekül reagieren, das dann nach dem Kugelmodellschema der *Abb. 11a* weiterreagiert.

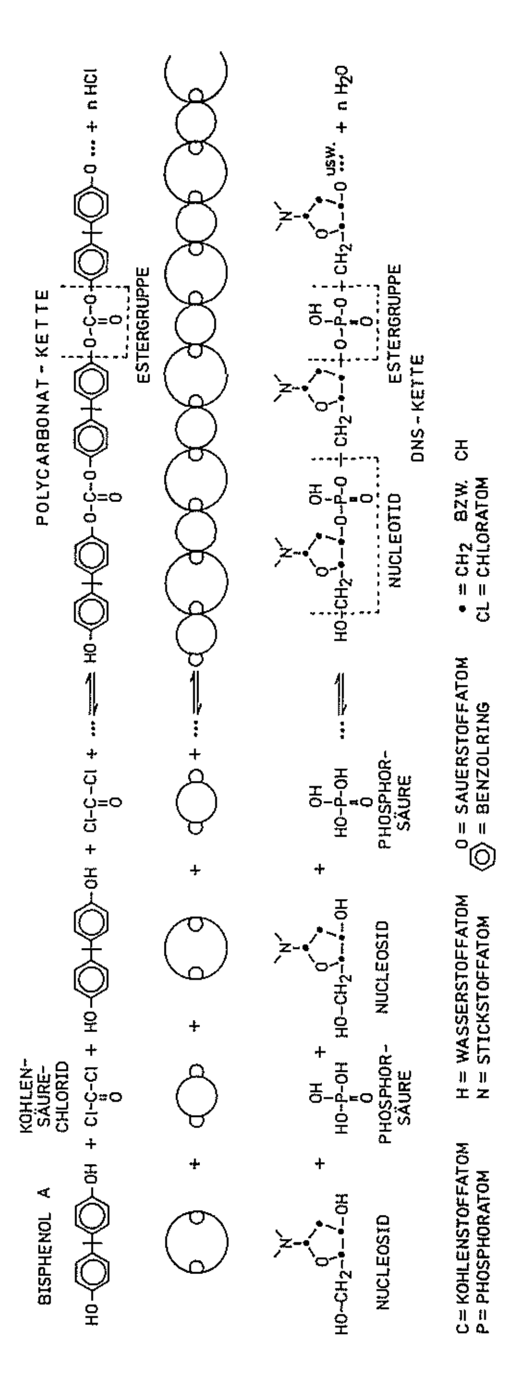
Die Polykondensation gehört zu den bestuntersuchten Reaktionen der organischen Chemie. Ihr sorgfältiges Studium und die langjährigen technischen Erfahrungen haben immer wieder bestätigt, daß nur dann Makromoleküle mit langen Ketten entstehen, wenn die bifunktionellen Ausgangsstoffe in extrem hoher Reinheit vorliegen, d. h. völlig frei von solchen Stoffen sind, die nur *eine* Haftstelle oder funktionelle Gruppe pro Molekül besitzen.



Das ist keineswegs überraschend sondern selbstverständlich, wenn man bedenkt, daß Materie aus kleinsten Teilchen, Atomen bzw. Molekülen, besteht und daß man einen Reigen nur bilden kann, wenn man bereit ist, beide Hände zur Verfügung zu stellen. Daher ist der in *Abb. 12* gezeigte Versuch nicht als Beweis zu werten, sondern dient der Veranschaulichung und Einprägung eines zwar völlig evidenten, aber trotzdem bei den Selbstorganisationshypothesen übersehenen Sachverhalts.

Abb. 11a: Bifunktionalität (zwei Druckknopfteile pro Kugel) als Voraussetzung für die Entstehung von Makromolekülen (nach Vollmert *[13]*):
oben: Nylonsynthese
unten: Proteinsynthese
Mitte: Veranschaulichung der Kettenbildung durch Kugelmodelle mit Druckknöpfen, die den Bindegruppen der Moleküle entsprechen.

Abb. 11b: Entstehung von Polyester-Kettenmolekülen durch Polykondensation (nach Vollmert *[13]*):
oben: Technische Synthese eines Kunststoffs (Polycarbonat) aus Bisphenol-A (mit zwei OH-Gruppen) und Phosgen (mit zwei Säurechloridgruppen)
unten: Bildung von DNS- bzw. RNS-Ketten aus Ribose (mit zwei OH-Gruppen und Phosphorsäure (mit zwei aktiven Säuregruppen)
Mitte: Einheitliche Darstellung beider Polykondensationsreaktionen durch Kugelmodelle mit Druckknöpfen.

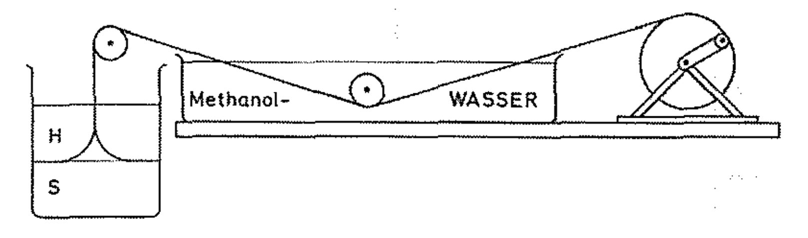


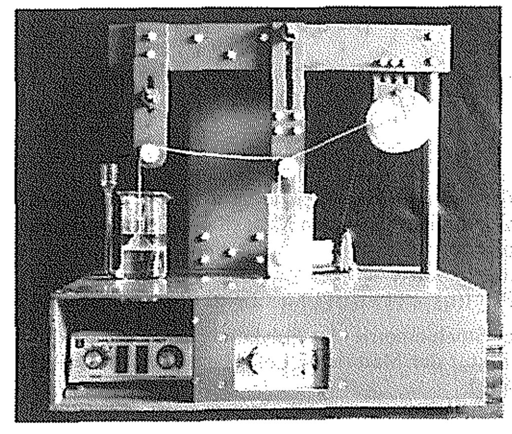
7.2.2 Monofunktionelle blockieren das Kettenwachstum - Beispiel: Nylonsynthese durch Grenzflächenpolykondensation

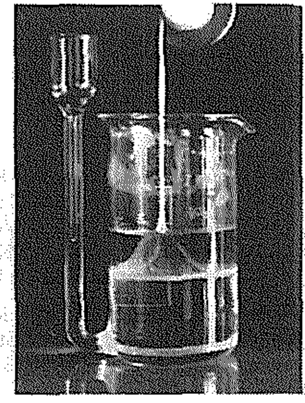
Abb. 12 zeigt eine Nylonsynthese nach dem Verfahren der Grenzflächenpolykondensation: Ganz oben ist das Schema der Versuchsanordnung, darunter links eine entsprechende Laboratoriumsapparatur mit einem Becherglas als Reaktionsgefäß, in welchem sich die bifunktionellen Komponenten, Adipinsäuredichlorid und Hexamethylendiamin, befinden; das eine ist in Tetrachlorkohlenstoff gelöst, der die untere Schicht bildet, und das andere in der darüber stehenden Wasserschicht.

An der Grenzfläche zwischen beiden Schichten, wo die Reaktionspartner zusammentreffen, bildet sich rasch ein dünner Nylonfilm, den man mit einer Pinzette herauszieht, so daß sich ein dünner Schlauch bildet; man zieht ihn über Rollen durch ein Wasserbad und befestigt ihn an einer Trommel, auf der er sich aufwickelt, sobald man den Motor ein-

Abb. 12: Experiment zur Demonstration der kettenabbrechenden Wirkung von monofunktionellen Stoffen *[13]*
(a) Schema - *(b)* Gesamtapparatur - *(c)* Reaktionsgefäß







(a)

1 [q* = 1/3] $\bar{P}_n = 2$

2 [q* = 1/3] $\bar{P}_n = 2$

3 q = 2/4 = 0,5 $\bar{P}_n = 3$

4 [q* = 1/2] $\bar{P}_n = 3$

5 [q* = 1/3] $\bar{P}_n = 2$

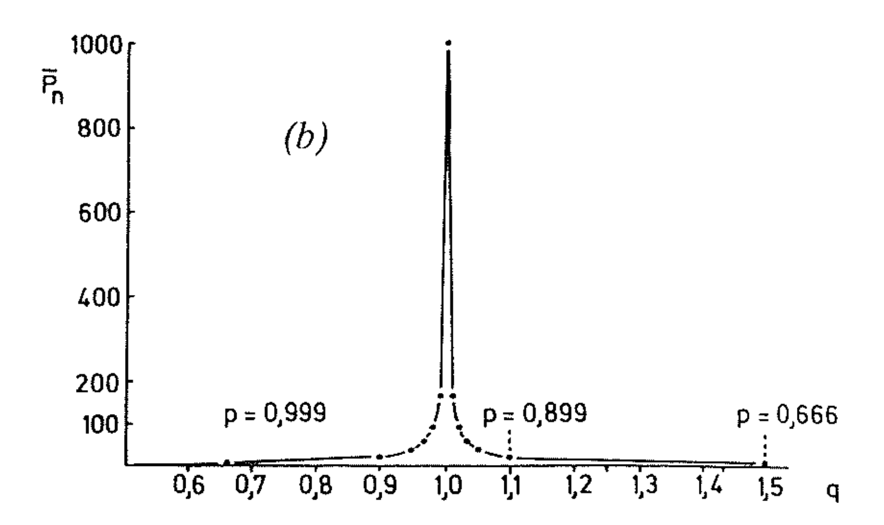


Abb. 13: Zur Blockierung des Kettenwachstums durch monofunktionelle Moleküle (q* ist ein Maß für den Anteil an monofunktionellen Molekülen und P ist ein Maß für die Kettenlänge) nach B. Vollmert */13/*;
(a) Veranschaulichung durch Kugelmodelle
(b) graphische Darstellung als $P = f(q) = (1+q)/(1+q-2\,p\cdot q)$ (Gleichung 2)

Gleichung (2) leitet sich aus der Stöchiometrie der Polykondensationsreaktion ab und damit aus der atomaren Struktur der Materie (s. Lehrbücher der Makromolekularen Chemie z. B. */34/*, S. 14 ff.).

schaltet. In dem Maße, wie der Film als Schlauch abgezogen wird, bildet er sich an der Grenzfläche neu, bis (nach einer halben Stunde etwa) die reaktiven Komponenten verbraucht sind.

Setzt man aber durch das seitlich angesetzte Zulaufrohr der unteren Schicht ein paar Tropfen des monofunktionellen Essigsäurechlorids zu, wird das Kettenwachstum blockiert, so daß keine neuen Nylonmoleküle an der Grenzfläche gebildet werden können und der Faden abreißt.

Die die Kettenbildung blockierende Wirkung von monofunktionellen Molekülen ist in *Abb. 13* noch einmal mit Hilfe von Kugelmodellen mit Druckknöpfen als Haftstellen dargestellt. Das P-q-Diagramm beschreibt diesen Einfluß quantitativ und läßt erkennen, daß schon kleine Anteile an monofunktionellen Molekülen die Entstehung von langen Ketten unmöglich machen. Sind aber die Monofunktionellen gar im Überschuß, ist die Kettenbildung vollständig unterbunden.[14]

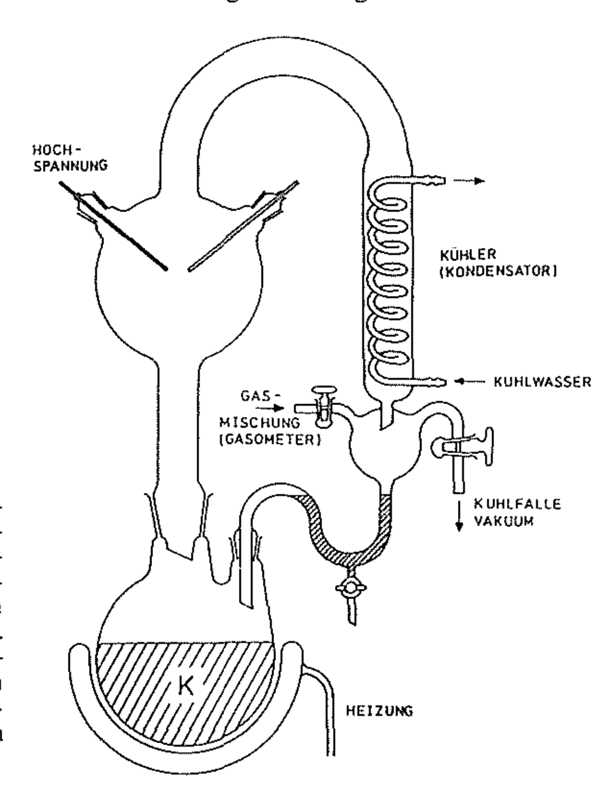


Abb. 14: Miller-Apparatur zur Simulation der Ur-Atmosphäre. In dem Kolben K befindet sich zunächst nur Wasser. Im Laufe des Versuchs sammeln sich hier die in der Atmosphäre gebildeten Stoffe.

7.2.3 Die Situation der frühen Erde: Simulation im Miller-Versuch - Ergebnis: Großer Überschuß an Monofunktionellen

Genau das aber war die Situation auf der frühen Erde, wie die Simulationsexperimente von S. L. Miller gezeigt haben *[17]*. Bei diesen Versuchen (die Apparatur ist in *Abb. 14* zu sehen) wurde eine Gasmischung aus Wasserdampf, Ammoniak und Methan im Kreislauf einer Funkenentladung (Simulation von Gewittern) ausgesetzt. Der Versuch wurde inzwischen in vielen Laboratorien in aller Welt mit den verschiedensten Gasmischungen und unter variierten Versuchsbedingungen an die hundert Mal wiederholt, immer mit dem gleichen Ergebnis *[18]*:

BIFUNKTIONELLE MOLEKÜLE	RELATIVE ANZAHL DER MOLEKÜLE IN DER LÖSUNG
H_2N-CH_2-COOH GLYCIN	1,0
$H_2N-CH(CH_3)-COOH$ ALANIN	0,54
AMINOSÄUREN:	1,54
$HO-CH_2-COOH$ GLYKOLSÄURE	0,9
$HO-CH(CH_3)-COOH$ MILCHSÄURE	0,73
HYDROXYCARBONSÄUREN:	1,63
$HOOC-(CH_2)_2-COOH$ BERNSTEINSÄURE	0,5
NUCLEOSIDE: (UNTER DER NACHWEISBARKEITSGRENZE)	< 0,003

MONOFUNKTIONELLE MOLEKÜLE	RELATIVE ANZAHL DER MOLEKÜLE IN DER LÖSUNG
$HCOOH$ AMEISENSÄURE	3,0
CH_3-COOH ESSIGSÄURE	0,3
CH_3-CH_2-COOH PROPIONSÄURE	0,3
MONOCARBONSÄUREN:	3,6
CH_3-NH_2 METHYLAMIN	5,0
$CH_3-CH_2-NH_2$ AETHYLAMIN	0,5
MONOAMINE:	5,5

Abb. 15: Typisches Ergebnis von Miller - Versuchen nach Dose und Rauchfuß *[18]*

Wie die Tabelle *(Abb. 15)* zeigt, bilden sich bei Miller-Versuchen neben kleineren Mengen an Aminosäuren (Proteinbausteinen) stets größere Mengen an monofunktionellen Stoffen wie Ameisensäure und

Amine (bei UV-Bestrahlung). Noch viel geringer (mindestens um den Faktor 100 geringer) sind die Mengen an Nucleosiden (DNS-Bausteinen), die sich bei Elektronenbestrahlung bilden.

Jeder Polymerchemiker weiß, daß sich in solchen Mischungen, in denen die monofunktionellen Stoffe überwiegen, Makromoleküle wie DNS oder Proteine nicht bilden können.

7.2.4 Falsche Meinung durch mangelhafte Information

Wenn sich trotzdem die Lehre von der Selbstorganisation als einer wissenschaftlich gesicherten Theorie ausbreiten konnte, so unter anderem auch deshalb, weil erstens das Resultat der Miller-Experimente (von seltenen Ausnahmen abgesehen) falsch wiedergegeben wird, insofern als immer nur auf die Bildung von Aminosäuren hingewiesen wird, das für die Frage der Selbstorganisation Entscheidende aber unerwähnt bleibt, daß nämlich die Aminosäuren stets als Stoffmischung mit einem Überschuß an monofunktionellen Carbonsäuren und Aminen entstehen, die jedes Kettenwachstum blockieren. Infolge dieser meist auf Unkenntnis beruhenden Desinformation *[19]* konnte sich die Meinung festsetzen, Ursuppen seien ein geeignetes Medium für die Bildung von DNS und Proteinen.

Eine zweite Nährquelle für den Glauben an Selbstorganisationshypothesen ist die Illusion, Aminosäuren und Nucleotide hätten sich von selbst von ihren kettenblockierenden Begleitstoffen getrennt. Eine Illusion ist das deshalb, weil im adsorbierten Zustand (man denkt an eine graduell verschiedene Adsorption der zu trennenden Stoffe an Sand oder porösem Gestein) eine Reaktion wegen Trennung und Fixierung der Komponenten nicht möglich ist und auf lange Sicht der Regen dafür sorgt, daß sich der alte Zustand der Mischung wieder einstellt. Versuche zur Synthese von DNS-Ketten in wässrigem Medium mit reinsten bifunktionellen Ausgangsstoffen können daher nicht als Synthesen unter präbiotischen Bedingungen gelten, abgesehen davon, daß selbst diese Versuche bisher nicht zu selbstreplizierenden DNS-Kettenstücken geführt haben und auch keine Aussicht besteht, daß sie dies jemals tun werden.

7.2.5 Kettenspaltung und Verlust der Information durch Hydrolyse[15]

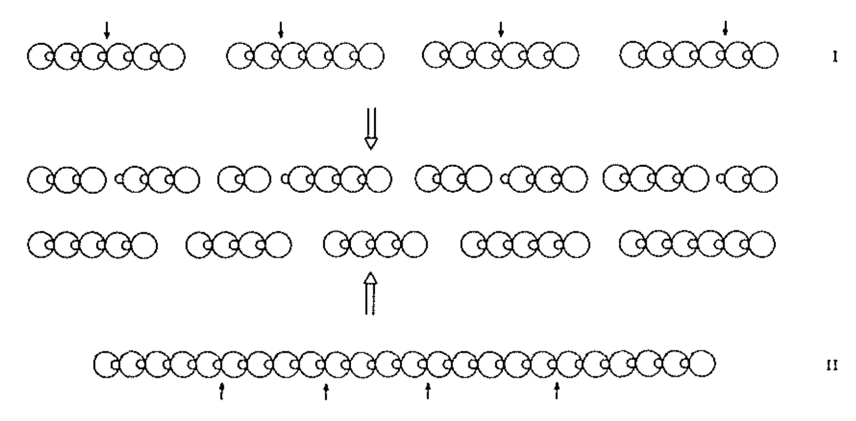
Ein weiteres kommt nämlich hinzu: die Hydrolyse. Unser irdisches Leben ist ohne Wasser nicht denkbar. Für die Makromoleküle aber, die die genetische Information tragen, ist Wasser ein gefährlich-aggressi-

ves Medium, weil die Esterbindungen der Kette durch Reaktion mit Wasser gespalten werden können. Das hat zur Folge, daß Polykondensationen nach Art der DNS-Kettenbildung Gleichgewichtsreaktionen sind, d. h. das Kettenwachstum kommt zum Stillstand, wenn sich pro Sekunde ebensoviele Kettenspaltungsreaktionen ereignen wie Kettenaufbaureaktionen.

Selbst wenn auf der frühen Erde Bedingungen denkbar wären, unter denen sich durch Reaktion von hochaktiven Nucleotiden in wasserfreiem Zustand oder an Grenzflächen DNS-Moleküle hätten bilden können, hätten sie sich doch nur in Wasser weiterentwickelt und wären auf jeden Fall irgendwann dem hydrolytischen Angriff der Ursuppe (d. h. einer Ammoniumformiatlösung) zum Opfer gefallen.

Wie *Abb. 16* zeigt, verlieren nämlich DNS-Ketten bei gegebener, gleicher Anzahl Kettenspaltungen pro Sekunde um so rascher an Länge, je länger sie sind. Bei dem im Bild gezeigten Beispiel werden (bei vier Spaltungen pro Zeiteinheit) die vier kleinen Kettenmoleküle (oben) auf die halbe Länge reduziert, während die lange Kette (unten) in der gleichen Zeit bei der gleichen Anzahl Spaltreaktionen pro Zeiteinheit auf 1/5 der Ausgangslänge zurückgeht, d. h. der Einfluß der hydrolytischen Kettenspaltung wird um so größer, je länger die Ketten sind: eine negative Autokatalyse.

Abb. 16: Zum Einfluß von Wasser bei der Entstehung von DNS- und Protein-Makromolekülen.



Dabei ist zu bedenken, daß die DNS-Ketten durch hydrolytische Spaltung ja nicht nur ihre Länge verlieren, sondern (was noch viel verhängnisvoller ist) auch ihre Sequenz, die Reihenfolge der Nucleotide, und

damit die genetische Information oder das, was einmal eine solche hätte werden sollen.

Dies, der Verlust der Information durch hydrolytische Kettenspaltung, kann nicht durch den Hinweis darauf, daß das Leben ein im thermodynamischen Sinne offenes System sei[15], abgetan werden. Eine Kettenspaltung kann (unter günstigen Bedingungen) durch erhöhte Geschwindigkeit der Kettenaufbaureaktion in bezug auf die Kettenlänge wieder ausgeglichen werden, nicht aber in bezug auf die Reihenfolge der Nucleotide in der Kette. Die Reihenfolge kann nur durch Verhinderung von Kettenspaltungen (Reparaturenzyme) gesichert werden, nicht aber durch Stoff- und Energieaustausch mit der Umgebung (Sonnenlicht). Solange es noch keine Reparaturenzyme gab, d. h. im Ursuppenstadium, mußten alle DNS-Ketten enthaltenden Systeme, wie immer sie entstanden sein mochten, stets wieder ins thermodynamische Gleichgewicht zurückfallen, wenn sie sich selbst überlassen waren; bei Lebewesen sagt man: Wenn sie gestorben sind.

Gentechniker, die DNS-Moleküle im Laboratorium herstellen, arbeiten bei ihren Synthesen in wasserfreien Lösungsmitteln, und bei der technischen Herstellung von Polyesterfasern wird der Reaktionsmasse durch hohes Vakuum das bei dem Prozeß gebildete Wasser entzogen. In einem sich selbst überlassenen wässrigen Medium nach Art einer Ursuppe können langkettige Makromoleküle wie DNS und Proteine nicht spontan (von selbst) entstehen.

7.2.6 Evolutionsexperimente "unter präbiotischen Bedingungen" sind gescheitert

Dieses durch viele Experimente im Rahmen der Synthesefaserforschung erworbene Wissen hat viele Forscher in aller Welt nicht davon abhalten können, immer wieder Versuche zur Synthese von DNS-artigen Makromolekülen unter präbiotischen Bedingungen (wie man sagte) durchzuführen.

Das völlige Scheitern all dieser im internationalen Rahmen mit großem Einsatz durchgeführten Versuche hat einige der führend daran beteiligten Forscher wie Klaus Dose *[20]* und Robert Shapiro *[21]* zu resignierten Feststellungen veranlaßt. So schreibt Klaus Dose in seinem Resümee über die von ihm geleitete ISSOL-Tagung in Mainz 1983 (ISSOL = International Society for the Study of the Origin of Life): "Andererseits muß die spontane Bildung von einfachen Nucleotiden oder gar von replikationsfähigen Polynucleotiden auf der präbiotischen Erde auf Grund zahlreicher, aber erfolgloser Experimente

heute als unwahrscheinlich angesehen werden (K. Dose, Mainz; R. Shapiro, New York/USA; L. E. Orgel, San Diego/USA). Louis Pasteur machte 1864 an der Sorbonne in seinem historischen Vortrag über die Ablehnung der Doktrin der spontanen Generation lebender Zellen die Aussage, daß sich diese Doktrin niemals von dem tödlichen Schlag erholen würde, den sie durch seine Experimente erhalten hätte. Analog mag die Mainzer Tagung historische Bedeutung erhalten, weil hier erstmals von mehreren Wissenschaftlern widerspruchslos festgestellt wurde, daß alle Thesen zur Evolution lebender Systeme aus spontan entstehenden Polynucleotiden ohne experimentelle Grundlage sind" *[20]*.

Andere prominente Forscher wie Fred Hoyle und Francis Crick *[22]*, haben sich mit ihren Hypothesen zur Entstehung des Lebens in die Weiten des Weltalls zurückgezogen, was natürlich auch auf Resignation hinausläuft, denn eine Selbstorganisation, die hier auf unserer Erde nicht möglich war, konnte auf anderen Planeten ebensowenig stattfinden. Das Periodische System hat im ganzen Weltall die gleichen Atome zu bieten, und die Atomstruktur und die chemische Bindung sind überall im Universum dieselbe. Auch die zufällige Entstehung cooperativer Genfolgen ist gleich unwahrscheinlich, wo immer man die Rechnung ansetzt und wo man dem gigantischen Spiel Raum gibt.

8. Resümee

Solange Darwins Lehre eine Ideologie war, konnte man begeistert daran glauben, sie glühend verfechten oder leidenschaftlich bekämpfen. Seit sie aber mit der Aufklärung der molekularen Basis der Vererbung eine naturwissenschaftliche Hypothese geworden ist, wonach das Auftreten der Darwinschen Varietäten als Mutationen, d. h. Sequenzänderungen des DNS-Kettenmoleküls, mit chemischen Formeln beschrieben werden kann, ist sie als solche dem Urteil einer an experimentellen Fakten orientierten Überprüfung unterworfen. Das Ergebnis dieser Überprüfung ist ihre Falsifizierung.

Die von verschiedenen Forschern auf Darwins Spuren mit viel Phantasie und hohem fachlichen Können ausgearbeiteten und mit großem Aufwand publizierten Selbstorganisationshypothesen mögen präzise, eindeutig, wissenschaftlich korrekt, verständlich, logisch konsistent und wegen ihres hohen wissenschaftlichen Niveaus im höchsten Grade bewundernswert sein, sie sind außerdem auch noch falsch, - so wie die Aussage, es gebe ein neutrales Kohlenstoffatom mit 7 Elektronen, genau, eindeutig, wissenschaftlich korrekt, verständlich, logisch konsi-

stent und falsch ist *[23]*. Die beiden Aussagen sind deshalb falsch, weil die Voraussetzungen für ihre Realisierung auf unserer Erde, in unserer Welt, nicht gegeben sind.

Diese Aussage, als Ergebnis einer Befragung der am Prozeß der Bio-Evolution unmittelbar beteiligten Makromoleküle, ist für uns, die wir in der Euphorie des "Messen, was meßbar ist, und meßbar machen, was es noch nicht ist" aufgewachsen sind und aufwachsen, ziemlich unbefriedigend. Andererseits hat gerade der Naturwissenschaftler gelernt, seine eigenen Vorstellungen und Erwartungen hintanzustellen und dem, was man beobachtet, den Vorrang zu geben. Das meinte Isaak Newton mit seinem berühmten Ausspruch: "Hypotheses non fingo". Natürlich macht sich jeder seine Hypothesen, aber man legt sie ad acta, wenn Experimente (Beobachtungen) dagegen stehen.

Indessen: Die Hypothese der Entstehung des Lebens durch Selbstorganisation (die modernisierte und erweiterte Lehre Darwins) ist aus verschiedenen Gründen ein Sonderfall:

1. Seit Darwins Buch "Die Entstehung der Arten durch natürliche Zuchtwahl" erschien, wurde seine Lehre immer wieder von verschiedenen Seiten "widerlegt" (angeblich) und mit oft genug lächerlichen Argumenten, was zur Folge hat, daß jetzt eine Veröffentlichung mit kritisch-ablehnender Einstellung gegen die Bio-Evolution von der seriösen Wissenschaft so gut wie nicht mehr zur Kenntnis genommen wird. Es gibt einfach zu viel blühenden Unsinn in der Anti-Darwin-Literatur.

2. Aber auch die Pro-Darwin-Literatur hat ihre Schwärmer. Sie haben aus Darwins Lehre eine Pseudoreligion gemacht. Das begann schon im 19. Jahrhundert mit Ernst Haeckel und erreichte einen gewissen Höhepunkt in dem umfangreichen Werk Teilhard de Chardins[16], das nicht nur unter christlichen Theologen begeisterte Anhänger fand, sondern auch auf Naturwissenschaftler zurückwirkte, so daß sie hymnische Evolutionsgesänge anstimmten *[24]* oder die Evolution als Paradigma priesen *[25]*, das weder bewiesen werden kann noch eines Beweises bedarf, als Sachverhaltsevidenz also.

3. Darwins Lehre ist, obwohl man das zunächst gar nicht vermutet, in ihren Konsequenzen im höchsten Grade anthropozentrisch insofern, als der Mensch, nachdem sich der persönliche Schöpfer-Gott und Gesetzgeber der Bibel als Jahrtausende alter Irrtum erwiesen hat, nun in die vollkommene Autonomie entlassen wird, die er (zunächst einmal jedenfalls) als vollkommene Freiheit genießt. Aufatmend streift er die Fesseln einer ihm von außen aufgezwungenen Ethik ab. Das "Du sollst

(nicht)" gehört der Vergangenheit an, und das Böse hat als "Das sogenannte Böse" seinen metaphysischen Schrecken verloren. Freilich zeichnen sich inzwischen schon viele Schrecken ab als Vorboten des neuen Guten, das nun nicht mehr im Sinne des Schöpfer-Gottes das Konstruktive ist, sondern einfach das, was aus den vielerlei Selbstverwirklichungsbemühungen (Darwin sprach da noch etwas unklug und altmodisch von "Kampf ums Dasein") als das an die jeweils obwaltenden Verhältnisse Bestangepaßte hervorgehen wird (niemand kann wissen, wer oder was das sein wird). Noch hat kein Staat, keine Gesellschaft es gewagt, die neue Selbstorganisationsethik konsequent zu praktizieren. Manches ist noch tabu, da es zu sehr an die jüngere Vergangenheit des Dritten Reiches erinnert und einige werden irgendwann ein dunkles Unbehagen vor "kaiserlosen Zeiten" empfinden (sie könnten wie einst schrecklich sein), aber wir haben ja die Medien und dort gibt es professionelle Verpackungskünstler.

Im Bereich der Wissenschaft ist man sich weitgehend einig, daß "wir" die Evolution, C. Bresch sprach es offen aus *[24]*, nunmehr selbst in die Hand nehmen müssen, wohl, damit die von Teilhard de Chardin erschaute Noosphäre nun erst einmal richtig zum Leuchten kommt. Die Größe der Aufgabe, vor allem, wenn man das weite Weltall miteinbezieht, (was ist dagegen ein Gott, dessen Größe mit den Worten gepriesen wird: "Herr, soweit die Wolken gehen, gehet Deines Namens Ruhm?") ist doch wohl des Schweißes der Edlen wert.

4. Was bei Darwin ganz bescheiden als Entwicklung der Arten durch Selektion von spontan entstehenden Varietäten begann, und dann zunächst einmal nur als endzeitliche Visionen eines neuen Jerusalems die Phantasie einiger kluger protestantischer Theologieprofessoren in den USA beflügelte *[26]* und dann in Teilhards Werk zu einem großen Evolutionshymnus dichterisch gestaltet wurde, hat sich schließlich durch die Forschungsergebnisse von Astronomie, Astrophysik und Elementarteilchenphysik zu einer das ganze Universum umfassenden Evolutionskosmologie, genannt "Standardmodell", ausgeweitet und gefestigt. Die Entwicklung von Lebewesen auf einem Planeten in einer abgelegenen Gegend unserer Milchstraße, einer von vielen Milliarden Galaxien, die mit großen Geschwindigkeiten auseinanderfliegen, so als seien sie in einer vor 10 oder 20 Milliarden Jahren gezündeten Explosion begriffen, ist in diesem gewaltigen kosmischen Geschehen eher ein Ereignis am Rande, - ein Ereignis freilich, das sich als Bio-Evolution zwanglos in den großen Rahmen der kosmischen Evolution einfügt. Das heißt: Die Lebewesen sind genau so, wie sie sein müssen, um unter den gegebenen kosmischen und geologischen Bedingungen leben

zu können. Sie haben sich - das hat Darwin ganz richtig erkannt - durch Mutation und Selektion immer wieder den sich ändernden Lebensbedingungen angepaßt. Und jetzt besiedeln sie die Erde dichter und dichter und warten, soweit es die Menschen betrifft; ziemlich ratlos und verstört, was weiter geschieht. Das Endschicksal der Erde als sonnennaher Planet, ihr Verglühen in der Photosphäre einer zum "Roten Riesen" aufgeblähten Sonne, steht zwar fest, aber niemand weiß, wann das eintreten wird, und ob dann noch Leben auf der Erde sein wird. Dann (spätestens dann) wäre, wenn das ganze Evolutionsdrama sich als ein Werden durch Selbstmontage oder Selbstorganisation abspielte, alles vorbei und so, wie wenn nie etwas dagewesen wäre: "Je begreiflicher uns das Universum wird um so sinnloser erscheint es auch", so der amerikanische Physiker Steven Weinberg *[27]*.

5. Auch der menschliche Geist, sein Denk- und Erkenntnisvermögen, finden nach Aussage der von ihren Begründern EE genannten Evolutionären Erkenntnistheorie *[28]* durch Mutation und Selektion eine vollständige Erklärung, wogegen ich aus der Sicht der Makromolekularen Chemie wenig einwenden könnte, da eine meßbare DNS-Kettenverlängerung für diese - zeitlich gesehen kleine Entwicklungsstufe nicht nachweisbar sein dürfte. Aber warum sollte ausgerechnet diese letzte Stufe unter der Regie von Mutation und Selektion verlaufen sein, wenn dies bei den vielen großen Entwicklungsschritten, die vorangingen, nicht möglich war?

Das alles hat zur Folge, daß sich die Hypothese der Entstehung des Lebens durch Selbstorganisation (Mutation-Selektion), auch wenn sie als falsch erkannt wurde, nicht einfach ad acta legen läßt, so als sei nichts weiter geschehen. Erst ist sie aus ideologischen Motiven bekämpft worden; dann wurde sie als vermeintlich naturwissenschaftlich bewiesene Theorie etabliert und hat so eine Welt und Kosmos umspannende ideologische Verankerung erfahren, in der sie auch dann noch Bestand haben wird, wenn sie als wissenschaftliche Theorie längst unhaltbar geworden ist.

Dazu kommt, daß nicht nur die Selbstorganisationshypothese, sondern auch ihre Widerlegung ihre Besonderheit hat: Es gibt zwar, was die chemischen, biologischen und paläontologischen Details betrifft, einige Varianten, aber alle ranken sich um die Von-selbst-Entstehung des Makromoleküls DNS als tragende Säule. Die Erkenntnis, daß DNS-Kettenmoleküle mit cooperativer Gensequenz nicht zufällig - von selbst entstehen können, (weder durch Mutation-Selektion noch durch statistische Copolykondensation) nimmt daher jeder Selbstorganisationshypothese ihre zentrale Stütze, so daß es eine naturwissenschaft-

lich begründbare Alternative zur Darwin-Theorie bzw. Selbstorganisation nicht geben kann:[17]

Ohne DNS kein Leben; und wo DNS nicht von selbst entstehen kann, kann auch Leben nicht von selbst entstehen.

Wenn das so ist, wenn einerseits cooperative[7] DNS und damit Leben nicht von selbst entstehen konnte, wenn andererseits Leben aber unübersehbar da ist, so daß auch DNS-Kettenstücke (Gene) jederzeit im Laboratorium analysiert und nachgebaut werden können, muß es entweder immer da gewesen sein (was nicht zutrifft), oder es verdankt sein Dasein einer intelligent-zielbewußten Planung, ist das Ergebnis einer geplanten Konstruktion, ist Schöpfung.

In naturwissenschaftlicher Sicht erscheint Schöpfung zwangsläufig immer als das Unverfügbare, dem Experiment nicht Zugängliche, als bleibende Wissenslücke: Wenn wir wissen, warum eine Von-selbst-Entstehung genetisch informativer DNS (DNS mit cooperativer Gensequenz) nicht möglich ist, wissen wir auch, daß und warum wir nicht wissen können, wie das Leben entstanden ist. Naturwissenschaftliche Erkenntnis stößt hier an eine Grenze, die mit den Methoden der Naturwissenschaft als solche zu erkennen und damit auch anzuerkennen ist. Goethe sprach vom Unerforschlichen, das ruhig zu verehren, zum höchsten Glück des denkenden Menschen gehört.

Dasselbe Geheimnis, das den Ursprung von Materie, Energie und Wechselwirkung am Anfang von Raum und Zeit umgibt, hat die gesamte Evolution begleitet, und begegnet uns auch heute noch in jeder Blüte und jedem Blatt; es begegnet uns in jedem Zellkern und dem darin hausenden DNS-Makromolekül, in der Reihenfolge seiner Nucleotide, jener geheimnisvollen Schrift, die Segen und Unheil zugleich bedeutet: Die Gnade, leben zu dürfen und den Fluch, leben zu müssen.

Anmerkungen

1 Genetische Information und Formprinzip

Mit diesem kurzen Hinweis ist ein gerade unter naturwissenschaftlichen Aspekten äußerst rätselhaftes, man ist versucht zu sagen: geheimnisvolles Phänomen angesprochen, das nämlich der Entstehung von Pflanzen- und Tiergestalt, die wir als embryonale Wachstumsphase der Lebewesen aus unmittelbarer Nähe beobachten können:#5 Aus einer oft mikroskopisch kleinen Eizelle entwickelt sich unter Zellteilung und -differenzierung hier ein Grashalm, dort ein Elefant, hier eine Eiche, dort eine Mücke, hier eine Rose, dort ein Krokodil, hier ein Wal, dort eine Ameise, ein Adler, ein Eisbär, eine Schwalbe, ein Tiger oder ein Hai, - oder ein Mensch. Alle die vielen Eizellen zu Beginn des embryonalen Wachsens unterscheiden sich, soweit man feststellen kann, nur durch ihr genetisches Programm, d. h. durch die Reihenfolge der vier verschiedenen Nucleotidkettenbestandteile des DNS-Makromoleküls in den Zellkernen. Wie aber kommt es, daß die nach diesem Programm hergestellten Proteine sich hier so anordnen, daß eine Lilie entsteht, und dort so, daß ein Zebra oder ein Kamel daraus wird? In allen Fällen wird ja durch das genetische Programm ein Bündel von einigen 100 Milliarden bis Billionen Proteinmolekülen (bis zu 50 000 verschiedene) in zeitlich ebenfalls durch das DNS-Programm gesteuerter Folge verfügbar gemacht. Was bewegt diese vielen Moleküle, sich immer wieder (in jeder neuen Generation) gerade so anzuordnen und nicht anders? Das Ungeheure dieses Naturschauspiels ohnegleichen,

---

#5 Haeckel und andere haben der Versuchung nicht widerstehen können, in der embryonalen Ontogenese eine im Eiltempo durchlaufene Rekapitulation der Phylogenese zu sehen. So frappierend der Gedanke angesichts der Ähnlichkeiten von Embryonen verschiedener Tierklassen zunächst erscheint, so naiv ist eine solche Betrachtungsweise unter molekularbiologischen Aspekten: In der Phylogenese wuchs das DNS-Makromolekül und damit die Länge der Gen-Kette von ca. 2000 Genen bei Einzelligen bis zur Länge von 50 000 Genen bei Säugetieren. Bei der Ontogenese dagegen liegt bereits in der Eizelle das Genom des jeweiligen Tieres bzw. der Pflanze in seiner vollen Länge vor und ändert sich während des gesamten embryonalen Wachstums nicht. Phylogenese ist also etwas fundamental anderes als Ontogenese. Gestaltwerdung, jede Gestaltwerdung, auch die im Verlauf der Phylogenese sich vollziehende, ist und war immer schon Ontogenese unter der Regie eines jeweils vorliegenden Genoms. Phylogenese dagegen ist Kettenwachstum, und die DNS-Kette als solche hat keine sich im Wachsen wandelnde Gestalt. Wie lang sie auch wächst, sie ist und bleibt der unscheinbare geknäuelte Faden, beim Säugetier nicht anders als beim Urbakterium. Was sich ändert, ist ihre Länge und die Reihenfolge ihrer Bestandteile. Bei der Ontogenese aber bleibt beides, Kettenlänge und Sequenz, völlig unverändert.

das wir alle am eigenen Leibe (wenn auch unbewußt) erlebt haben, kommt uns um so mehr zum Bewußtsein, je mehr wir von den Details des DNS-Moleküls, insbesondere von der Art der Information und ihrer Auswertung zur Synthese von Proteinen wissen. Über die Form der Lebewesen ist dort nämlich nichts zu finden. Für den Chemiker fängt das ganz und gar Sonderbare dieses Phänomens nicht erst bei Rosen und Orchideen an, sondern schon bei der primitivsten Bakterienzelle. Es ist einfach unfaßbar, was bei der Teilung einer solchen Zelle geschieht, und ebenso unbegreiflich natürlich, wie dies zum ersten Male auf der frühen Erde hat geschehen können. Vielleicht gibt es hier noch genial einfache Regelmechanismen und -prinzipien zu entdecken, die erkennen lassen, wie mit einem definierten Stoffangebot an Proteinen immer und zwangsläufig auch die Ausprägung einer bestimmten Form vorgeschrieben ist. Es könnte aber sehr wohl sein, daß sich dieses Regelprinzip nicht *in* der Natur finden läßt, weil es *über* der Natur ist. Es liegt in der Natur der Sache, daß sich ein solches Prinzip unter naturwissenschaftlichen Aspekten immer nur als Wissenslücke zeigen kann.

Mit der Beschränkung auf das Makromolekül DNS und sein Kettenwachstum im Laufe der Erdenzeit umgeht man das hier kurz angedeutete Leib-Seele-Problem und damit natürlich auch die Notwendigkeit, Leben definieren und sagen zu müssen, wann es begann, und bleibt so im Bereich des exakt-naturwissenschaftlich Zugänglichen, im Bereich der Chemie, im Bereich der Molekülsynthese.

2 DNS ist weder Pflanze noch Tier - DNS ist ein Makromolekül

Die Wissenschaft von den Lebenserscheinungen ist die Biologie (Zoologie, Botanik, Mikrobiologie). Daher ist es nicht verwunderlich, wenn es Zoologen waren, die im 18. und 19. Jahrhundert zuerst die Frage nach einer natürlichen Erklärung für die Entstehung des Lebens stellten. Obwohl durch die molekularbiologische Forschung offenbar geworden ist, daß die Vererbung von Merkmalen durch ein Zusammenspiel von bestimmten Makromolekülen zu erklären ist, und es daher bei der Frage nach der Entstehung des Lebens im Wesentlichen um die Frage nach der Entstehung dieser Makromoleküle geht, kann man Verständnis dafür haben, daß auch heute noch viele Biologen sich in der Frage nach der Entstehung des Lebens für allein kompetent halten, - weil sie den tiefgreifenden Wandel in der Fragestellung noch nicht begriffen haben oder nicht sehen wollen. So wurde mir noch vor kurzem bei einem interdisziplinären wissenschaftlichen Symposium über Evolution von einem bekannten Freiburger Biologen in der Dis-

kussion das Wort entzogen mit der Bemerkung, ich sei Chemiker und verstünde nichts davon *[29]*.

Da es sein könnte, daß Leser durch ein solches Kompetenzgerangel unter Wissenschaftlern irritiert sind, möchte ich ausdrücklich darauf hinweisen, daß im gesamten Schauspiel des Lebens alle tragenden Rollen von Makromolekülen besetzt sind: DNS-Makromoleküle (Polyester) speichern und übertragen die genetische Information, RNS-Makromoleküle ermöglichen durch Transcription und Translation die Protein-Synthese, Protein-Makromoleküle (Polyamide) sind als Strukturproteine Bausteine der Zelle und steuern als Enzyme (Biokatalysatoren) den Stoffumsatz der Zelle und Polysaccharid-Makromoleküle (Polyacetale), an erster Stelle Cellulose, sind die molekularen Bausteine der Pflanzenzellwand.

Es kann daher keine Rede davon sein, die Kompetenz des Polymerchemikers in Sachen "Entstehung des Lebens" sei eine angemaßte, noch bedarf es eines besonderen Auftrags, sie ergibt sich zwangsläufig aus der Sache, um die es geht. Denn eine letztinstanzliche Antwort auf die Frage: "Konnten die Lebewesen von selbst entstehen?" ist nur durch experimentelle Befragung der beteiligten Makromoleküle zu erwarten.

Die Antwort der Moleküle ist eine rein empirisch begründete Antwort und beruht letztlich auf experimentell festgegründeten Fakten wie der atomaren Struktur der Materie (Stöchiometrie-Gesetze), dem 2. Hauptsatz der Thermodynamik und der Kettenbildungsstatistik bei der Copolykondensation. Das bringt es mit sich, daß reine Denkbemühungen philosophisch-theologischer Art allein die Frage der Selbstorganisation nicht entscheiden können. Auch einem Biologen, der sich ernstlich mit der Frage nach der Entstehung des Lebens befassen will, wird es nicht erspart bleiben, sich gründlich über die Synthesen von Makromolekülen zu informieren.

Leider hat es die unvermeidliche Spezialisierung in den Wissenschaften mit sich gebracht, daß nicht nur Biologen, sondern zuweilen auch Chemiker nur geringe und vage Kenntnisse über die Synthesen von Makromolekülen besitzen. Daher gestalten sich Diskussionen mit Biologen (wenn sie überhaupt zustandekommen) meist recht schwierig.

3 Translation: Proteinsynthese an Ribosomen

Die durch Gene gesteuerte Proteinsynthese oder Translation, an der mehr als 20 Enzyme oder Translationsfaktoren beteiligt sind, ist der zentrale biochemische Vorgang des Zellenlebens, denn die dabei ent-

stehenden Proteine steuern als Enzyme all die vielen anderen chemischen Umsetzungen (Reaktionszyklen), die das Leben der Zelle ermöglichen. *Abb. 17* zeigt das Grundschema der Translation, wie es sich aus vielen Experimenten ergeben hat: Die Boten-RNS legt an einen bestimmten Ort eines Ribosoms an und Transfer-RNS-Moleküle bringen die zum Aufbau der Proteinkette notwendigen Aminosäuren herbei. Jeder Aminosäure ist (darin besteht der Genetische Code) ein Triplett oder Codon (eine Dreierfolge von Nucleotiden) zugeordnet, dessen Komplementär- oder Gegencodon sich an jedem Transfer-RNS-Molekül befindet. Dieses legt an das entsprechende Codon der Boten-RNS an, wenn dieses an der Anlegestelle am Ribosom erscheint, und liefert seine Aminosäure an ein Enzym ab, das diese an die wachsende Proteinkette anhängt. Viele Details dieses hochkomplizierten Vorgangs sind geklärt, viele noch nicht. Besonders bemerkenswert erscheint mir, daß sowohl der Genetische Code wie auch der ganze Translationsmechanismus im gesamten Bereich des Lebendigen, vom einfachsten Bakterium bis zum Säugetier, der gleiche ist, d. h. drei Milliarden Jahre Erd- und Lebensgeschichte lang unverändert geblieben ist, sei es nun, daß die entsprechenden DNS-Kettenabschnitte gegen Mutationen geschützt sind, oder daß, was eher anzunehmen ist, alle Mutationen in diesem Bereich letal sind.

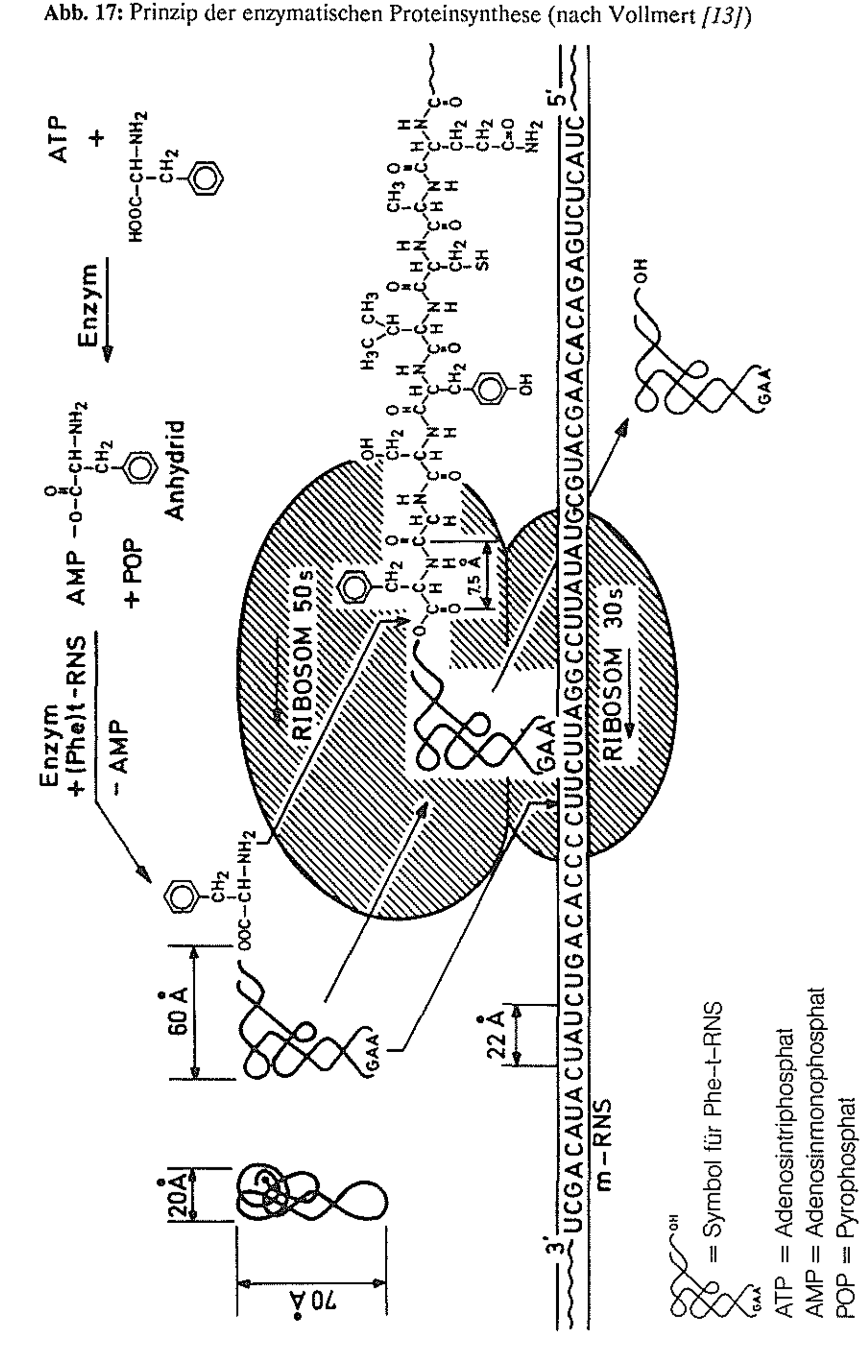
Das Resultat der Translation ist eine Proteinkette (Eiweißmolekül) mit der von dem zuständigen DNS-Kettenabschnitt (Gen) vorgeschriebenen Aminosäuresequenz, durch die es befähigt wird, als Enzym (Katalysator) oder als Strukturprotein ganz bestimmte Aufgaben in der Zelle zu übernehmen, diese und nur diese, denn Enzyme sind auf ganz bestimmte chemische Reaktionen spezialisiert, die sie katalysieren und dadurch erst ermöglichen.

4 Das Darwin-Schema

4.1 Mutation und Selektion

Man kann wohl voraussetzen, daß bei weitem die meisten Leser dieses Aufsatzes wissen, was Mutationen und Mutanten sind und was mit "Darwin-Schema gemeint ist. Da aber durch die Schwemme von Zeitschriften- und Zeitungsartikeln über Darwin und Darwinismus, Evolution und Evolutionismus von Biologen, Paläontologen, Chemikern, Philosophen, Theologen und Wissenschaftsjournalisten einige Verwirrung gestiftet wurde, möchte ich sicherheitshalber doch die Kernaussage von Darwins Lehre in Erinnerung rufen.

Abb. 17: Prinzip der enzymatischen Proteinsynthese (nach Vollmert *[13]*)



Darwin ging aus von der jedem Züchter bekannten Beobachtung, daß immer wieder einmal spontan Tiere oder Pflanzen mit einer überraschend neuen Eigenschaft auftreten, die durch Vererbung weitergegeben wird, aber nicht durch Kreuzung zu erklären ist. Die Züchter haben natürlich konkrete Vorstellungen davon, welche Eigenschaften für sie erwünscht sind und welche nicht. Daher lesen sie für die Zucht diejenigen Tiere (Varietäten) aus, deren Eigenschaften die höchste Wertsteigerung versprechen. Darwin kam auf den Gedanken, daß diese Auslese von zufällig entstandenen Varietäten bei wild lebenden Tieren zwangsläufig durch den "Kampf ums Dasein" vorgenommen wird, und schließlich irgendwann zur Entstehung einer neuen Art führen muß, wenn sich dieser Vorgang, die spontan-zufällige Entstehung von Varietäten (Mutanten) und die natürliche Auslese der überlebenstüchtigsten (Selektion) oft genug wiederholen können. Die Auslese ergibt sich zwangsläufig, weil in einer Schar von Varietäten oder Mutanten diejenigen die größere Fortpflanzungschance haben, die sich bei der Auseinandersetzung mit ihrer Umgebung durchsetzen, die sich aufgrund ihrer Eigenschaften den jeweiligen Lebensbedingungen am besten anpassen können, (was keineswegs immer die Stärksten sein müssen).

Das ist eine natürliche Erklärung für das Entstehen neuartiger Lebewesen, wie sie einleuchtender kaum sein kann, - freilich nur, solange man annehmen darf, daß die Varietäten wirklich spontan-zufällig, d. h. oft genug in kleinen Schritten, entstehen, und daß trotzdem eine Auslesemöglichkeit besteht, die zu Zwischengliedern zwischen zwei Klassen von Lebewesen führt. Das alles konnte durch Fossilfunde zwar nicht überzeugend belegt, konnte aber auch nicht ernsthaft überprüft und widerlegt werden, solange man die molekularen Ursachen für das Auftreten von Varietäten und die molekularen Voraussetzungen für das Entstehen neuer Klassen von Lebewesen nicht kannte.

Inzwischen kennt man beides, so daß die Voraussetzungen für eine exakt-naturwissenschaftliche Überprüfung des Darwinschen Modells gegeben sind: Die Aufklärung der Replikation, der chemischen Reaktion, durch die die genetische Information weitergegeben wird, und der dabei auftretenden Sequenzänderungen (Mutationen) als Ursache für das Erscheinen von Varietäten (Mutanten) gaben Darwins Lehre den Charakter einer naturwissenschaftlichen Hypothese, über deren Richtigkeit durch Beobachtung und Experiment entschieden werden kann - im Gegensatz zu K. Poppers irriger Meinung, wonach "der Darwinismus keine wissenschaftlich prüfbare Theorie ist" *[5]*.

4.2 Mutation und Selektion: Was bewirken sie wirklich?

Wenn die molekularbiologische Analyse der Bioevolution auch ganz eindeutig gezeigt hat, daß Darwins Lehre von der Entstehung der Arten durch Mutation und natürliche Auslese (Selektion) falsch ist, weil weder erstes Leben noch die Vielfalt der Arten durch spontan auftretende DNA-Sequenzänderungen oder durch statistische DNA-Kettenverlängerungen entstehen konnten, so bedeutet das nicht, daß es Mutationen und Selektion nicht gibt. Es gibt sie, und sie sind von größter Bedeutung für Gesundheit und Bestand der Arten, wie man sich an einfachen Beispielen leicht klar machen kann.

Als erstes nenne ich den Industriemelanismus beim Birkenspanner und anderen Schmetterlingen, wohl das meistzitierte Beispiel für das Zusammenwirken von Mutation und Selektion: Der Birkenspanner, bis um die Mitte des 19. Jahrhunderts als weißer Schmetterling mit schwarzen Flecken bekannt, der tagsüber meist auf Birkenstämmen saß, wo er durch Tarnung vor hungrigen Vögeln geschützt war. 1848 entdeckte man erste Exemplare einer dunklen Mutante, die es entweder bis dahin nicht gegeben hatte oder wegen ihrer Seltenheit übersehen worden war, weil sie wegen des fehlenden Tarnschutzes nur in wenigen Exemplaren überlebte, - solange die Birkenstämme weiß waren. Als sich nämlich gegen Ende des 19. Jahrhunderts in den großen Industriegebieten durch Rußbelastung der Luft die Birkenstämme dunkel färbten, waren die Überlebenschancen für die dunkle Mutante besser, so daß unter den so veränderten Selektionsbedingungen die helle Wildform 1960 nahezu ausgestorben war und die dunkle Mutante das Feld beherrschte. Bei der seit einigen Jahren geringer gewordenen Schadstoffbelastung der Luft ist neuerdings die helle Wildform wieder im Vormarsch. Hätte es keine Mutanten, sondern nur die helle oder nur die dunkle Variante gegeben, wäre möglicherweise die ganze "Art" ausgestorben.

Ein weiteres, nun nicht nur biologisch sondern auch medizinisch interessantes Beispiel für die Bedeutung von Mutation und Selektion für den Bestand von Arten bzw. Stämmen ist die Entstehung von Resistenz bei pathogenen Bakterien gegen Antibiotika durch Mutationen im Bakteriengenom. Es genügt, wenn unter Billionen von Bakterien eines befallenen Organismus' durch Mutation ein resistentes Bakterium entsteht, um zu bewirken, daß nach kurzer Zeit nur noch resistente Bakterien vorhanden sind, da diese sich in Gegenwart des Antibiotikums ungehindert vermehren können. Es gibt Bakterien, die Resistenzfaktoren gegen fünf verschiedene Antibiotika besitzen. Muta-

tionen, die für die Bakterien Rettung aus höchster Gefahr sind, bedeuten für den infizierten Menschen tötliche Bedrohung.

Das dritte Beispiel soll der für die Menschheit hochaktuellen Frage gelten: "Was geschieht, wenn keine Selektion stattfindet?". Leben kann nur, wer fähig und bereit ist, um sein Leben zu kämpfen. Das Leben von Individuen wie auch das Überleben der Arten ist ständig von Gefahren bedroht, und nur solche Lebewesen, die diesen Gefahren gewachsen sind, haben Zugang zu Nahrung und Fortpflanzung. Schwächliche und Kränkliche scheiden zwangsläufig und unbarmherzig aus, - sei es nun, daß eine Antilope noch nicht oder nicht mehr schnell genug war, um einer Löwin zu entkommen oder ein Mensch einer Virusinfektion erliegt, weil sein Immunsystem defekt war. Selektion, erbarmungsloses Ausmerzen alles Kranken und Schwachen, ist die sicherste Methode, die Arten gesund und in Bestform zu erhalten, - nach menschlichem Empfinden eine zutiefst unmenschliche Methode, der schon vor 3500 Jahren die Begründer der frühorientalischen Religionen ihre Forderung nach Nächstenliebe und Feindesliebe entgegengesetzt haben, - auf Geheiß Gottes, wie die Begründung in den altägyptischen Totenbuchtexten lautet.

Weltweite Verbreitung fand das Gebot der Nächstenliebe freilich erst durch die fast 2000 Jahre andauernden Bemühungen christlicher Missionare. Soweit diese Bemühungen auf eine Besserung der Lebensbedingungen für die Erdbevölkerung abzielten, war ihnen nur ein mäßiger Erfolg beschieden: Pest, Pocken, Cholera, Syphilis, Tuberkulose, Lepra, Typhus wüteten weiter, auch in christlichen Ländern. Erst durch naturwissenschaftlich-medizinische Forschung wurde die Menschheit von diesen Plagen befreit, indem die Fesseln des Nichtwissens und Nichtkönnens abgestreift und die Hände zu hilfreichem Handeln frei wurden. Die Kranken und Schwachen, die, solange es Leben gibt, einer unbarmherzigen Selektion zum Opfer gefallen waren, durften leben: Nächstenliebe und Humanität geboten es, naturwissenschaftliche Forschung und Technik ermöglichten es und die sozialen Einrichtungen von Staat und Kirche verwirklichten es. In aller Welt wurden, was verständlich ist, die Errungenschaften von Wissenschaft und Medizin als Großtaten des menschlichen Geistes gefeiert, die zu den kühnsten Hoffnungen schon für eine absehbare Zukunft zu berechtigen schienen.

Die Wunschvorstellungen, die manchen Politikern, Theologen, Dichtern, Philosophen, Unternehmern und Gewerkschaftsführern vorschweben, scheinen irgendwo zwischen Paradies und Schlaraffenland zu liegen. Wir vergessen dabei nur zu leicht, daß es sich bei dem Be-

mühen, die Selektion durch Wissenschaft und Nächstenliebe auszuschalten, um den kühnsten und schwerwiegendsten Eingriff in die Natur durch Menschenhand bzw. Menschengeist handelt.

Zu den Folgen dieses Eingriffs äußert sich Goethe 1787 in einem aus Rom an Charlotte von Stein gerichteten Brief so - Herders Buch 'Briefe zur Beförderung der Humanität' war soeben erschienen: "Er wird gewiß den schönen Traumwunsch der Menschheit, daß es dereinst besser mit ihr werden möge, trefflich ausgeführt haben. Auch muß ich selbst sagen, halt ich es für wahr, daß die Humanität endlich siegen wird, nur fürcht ich, daß zu gleicher Zeit die Welt ein großes Hospital und einer des anderen humaner Krankenwärter werden wird."

Diese schönen Traumwünsche und ihre Verwirklichung sind es, die die Menschheit ins Verhängnis der Degeneration führen: Die Säuglingssterblichkeit wurde so weit reduziert, daß auch schwerkranke, mißgebildete, körperlich und geistig schwerst behinderte Kinder am Leben bleiben, die Seuchen wurden durch Hygiene und Impfung besiegt, die schweren Infektionskrankheiten durch Antibiotika heilbar; und das mittlere Lebensalter stieg und stieg und steigt weiter. Das aber bedeutet, daß auch die Bevölkerungszahl der Erde ansteigt, - immer schneller ansteigt, - wie wir es derzeit erleben: Die Erdbevölkerung hat sich in der Zeit von 1850 bis 1950 verdoppelt, nämlich von 1,25 Mrd. auf 2,50 Mrd. Um dann nochmals aufs Doppelte anzuwachsen, wurden nur 36 Jahre benötigt (von 1950 bis 1986 von 2,5 auf 5 Mrd.). Und in weniger als 30 Jahren wird die 10 Mrd.-Marke überschritten sein, wenn nicht bis dahin durch gewaltsame Auseinandersetzungen (Atomkriege), durch Mangel an Rohstoffen und Nahrungsmitteln und durch globale Schädigung des "Ökosystems Erde" durch Abfallstoffe und Klimaveränderung (Treibhauseffekt) oder durch eine allgemeine körperliche und seelische Verwahrlosung, befördert durch Massenarbeitslosigkeit, eine Eindämmung des Bevölkerungswachstums erzwungen wurde.

Eine besondere Belastung durch die Verpflichtung der staatlichen Gemeinschaften zu mehr Humanität ergibt sich aus dem immer noch steigenden Anteil der Bevölkerung an Alten (Pflegebedürftigen), Kranken und Behinderten. Die schier endlosen Debatten über die Finanzierung der Pflegeversicherung haben gezeigt, wie gespannt das "Soziale Netz" bereits ist.

Soziale Netze schweben nicht von allein in der Luft, sondern werden von der Solidarität einer hinreichenden Zahl gesunder, intelligenter und fleißiger Mitbürger getragen. Die Ironie des Goethe-Zitats gipfelt darin, daß diese dritte Gruppe der am sozialen Bund Beteiligten gar-

nicht erwähnt wird. Alle Humanität erreicht aber ihre Grenze, wenn die Brieftasche des Barmherzigen Samariters leer ist. Ein Hungriger kann keinen Hungrigen ernähren, wie ein Blinder keinen Blinden führen kann.

Wir haben übersehen, daß Nächstenliebe weiter gefaßt werden muß, wenn sie nicht durch Ausschalten der Selektion zu Degeneration und Aussterben führen soll. Sie muß kommende Generationen mitumfassen, d. h. die Sorge um die Gesundheit des Erbguts ist ebenso wichtig wie die Sorge um die Gesundheit der jetzt lebenden Menschen. Wie die erbarmungslose Methode der Selektion wirksam durch humanere Methoden, die einerseits dem Gebot der Nächstenliebe, andererseits aber den Erfordernissen einer wirksamen Eugenik genügen, ersetzt werden kann, ist eine Überlebensfrage der Menschheit auf der Erde.

5 Das DNS-Kettenwachstum im Laufe der Erdenzeit (Polykondensation)

Abb. 7 zeigt die Zunahme der DNS-Kettenlänge im Laufe der biologischen Evolution. Dazu ist Folgendes zu bedenken:

1. Man weiß nicht, in welchen Stufen das Wachsen der Kette sich vollzog, in vielen kleinen (entsprechend der stetig ansteigenden Kurve) oder in wenigen großen Schritten (im Extremfall den fünf Stufen des Diagramms entsprechend, von denen die erste ihrer geringen Stufenhöhe von 1 mm wegen nicht zu sehen ist). Für die hier gezogenen Schlußfolgerungen ist die Stufenhöhe völlig bedeutungslos.

2. Infolge verschiedengradiger Polyploidie und Redundanz kann es vorkommen, daß Tiere mit ganz niedriger Entwicklungsstufe eine vielfach längere DNS-Kette besitzen als höhere. Es ist natürlich nicht der Zweck des Diagramms, biologische Abstrusitäten darzustellen, sondern den fundamentalen Sachverhalt, daß die DNS-Kette eines Säugetiers im Verlauf der Erdgeschichte von einer Länge um 1 mm bei Einzellern bis zu einer Länge von 1 m bei Säugetieren (haploid) gewachsen ist. Besser vielleicht drückt man die Länge der Kette durch die Anzahl der informationsträchtigen Gene aus, die in ihr enthalten sind. So gesehen ist die Kette von ca. 2000 Genen bei Bakterien auf ca. 50 000 Gene bei Säugetieren gewachsen.

3. Eine DNS-Kette von 1 m Länge bietet Platz für ca. 2,3 Millionen Gene. Soweit man das bis heute beurteilen kann, werden davon nur rund 2% als Informationsträger verwertet, d. h. ca. 50 000, vielleicht aber erheblich mehr, z. B. für die Bildung von Antikörperproteinen oder für Steuerungsmechanismen. Ich habe mit 10 000 Genen (Re-

dundanz ca. 99,5%) gerechnet, weil es auf die genaue Kenntnis des reduzierbaren bzw. des genetisch genutzten Anteils im Säugetiergenom für die Abschätzung der Entstehungswahrscheinlichkeit W_n von DNS-Kettenabschnitten in der Größenordnung von n = 100 bis n = 1000 Genen (Minimum für Selektions-Relevanz) nicht ankommt:

Bei 10 000 genutzten Genen (~ 0,5%): $W_n = (1/10^4)^{1000} = 1 : 10^{4000}$;

bei 50 000 genutzten Genen (~ 2,3%): $W_n = (1/(5 \cdot 10^4))^{1000} = 1 : 10^{4700}$;

bei 100 000 genutzten Genen (~ 4%): $W_n = (1/10^5)^{1000} = 1 : 10^{5000}$.

In jedem Fall ist die Aussage dieselbe: Die Wahrscheinlichkeiten sind viel zu gering, als daß man sie als Basis für die Entstehung eines Genoms durch zufällige Mutationen oder Additionen von Genen oder Nucleotiden diskutieren könnte. Das gilt auch dann noch, wenn man die minimale Selektionsrelevanz auf 100 Gene herabsetzt:

$$W_{n\,=\,100} = 10^{-400} \text{ bis } 10^{-500}.$$

4. Im Zusammenhang mit *Abb. 7* wurde in einem Zeitungsbericht *[30]* über ein internationales Symposium in Heidelberg geschrieben, ich sei bei der Diskussion durch die Frage, wie ich den Artbegriff definiere, in Verlegenheit gebracht worden. Ich möchte daher vorbeugend darauf hinweisen, daß der Artbegriff bei *Abb. 7* völlig uninteressant ist. Hier ist nur das Kettenwachstum einer Säugetier-DNS-Kette im Laufe der Erdgeschichte als Zunahme der Kettenlänge in mm oder Geneinheiten aufgetragen (Länge als Funktion der Zeit), das latent-genotypische Geschehen also, das sich nur dann und wann phänotypisch manifestieren kann, wenn nämlich das Genom um so viele neue Gene gewachsen ist, daß etwas lebensfähiges Neues in Erscheinung treten kann, wobei der Neuigkeitsgrad hier durch die Anzahl neuer Gene ausgedrückt werden kann und dann in etwa einer neuen Klasse entsprechen mag oder irgendeinem unbenannten, weil nicht aufgefundenen Zwischenwesen. So liefert der Ort der Klasseneintragungen ein grobes Schema, das die Wachstumskurve recht und schlecht den Ergebnissen der paläontologischen Erforschung unserer Erde zuzuordnen erlaubt. Man könnte aber auch diese Punkte oder zumindest die Namen der Tierklassen noch weglassen; dann gilt die Kurve bzw. ihre Aussage für irgendein Leben auf irgendeinem Planeten, bei dem irgendwelche Lebewesen mit stetig oder stufenweise zunehmender genetischer Information in Erscheinung getreten sind.

Für das Entstehen von bestimmten Lebewesen (diese sind ebensowenig wie der allgemeine Begriff *Leben* naturwissenschaftlich definierbar) lassen sich keine Wahrscheinlichkeiten berechnen. Diese werden vielmehr für das Entstehen von DNS-Kettenmolekülen mit nicht be-

liebiger, nämlich cooperativer Gensequenz durch statistische Copolykondensation berechnet. Auf Lebewesen sind die so gewonnenen Aussagen nur insofern übertragbar, als für jede Klasse von Lebewesen DNS-Ketten mit cooperativer Gensequenz von bestimmter Mindestlänge conditio sine qua non sind.

5. Die Zunahme der DNS-Kettenlänge im Laufe der Erdenzeit und die damit gewonnene zusätzliche Speicherkapazität für genetische Information war zweifellos eine Vorbedingung für das Auftreten neuer Klassen von Lebewesen. Das heißt aber nicht, daß das jeweils schon vorhandene Genom dabei unverändert geblieben wäre. Zusätzlich zur Kettenverlängerung mußte eine partielle Sequenzveränderung stattfinden, wobei auch zahlreiche Gene stillgelegt wurden, was möglicherweise zu steigender Redundanz geführt hat; jedenfalls mußten nicht nur die neu entstehenden Gene den schon vorhandenen, sondern diese auch, wo nötig, den neuen angepaßt werden, - ganz wie bei einer Neukonstruktion unter Verwendung vorhandener Bauelemente üblich.

6 Ein möglicher Kettenverlängerungsmechanismus: Illegitimes crossing over

Über den Mechanismus der Kettenwachstumsreaktion gibt es verschiedene hypothetische Vorstellungen *[31]*. *Abb. 18* zeigt das Schema einer von mehreren möglichen Rekombinationen bei illegitimem crossing over, wodurch die DNS-Kette um Stücke wechselnder Länge zwischen einem und vielen Genen verlängert werden kann. Die Kombination wird im allgemeinen ohne Verschiebung des Ableserasters verlaufen; dann muß durch nachfolgende Mutationen die Sequenz der Doppelgene solange verändert werden, bis eine Sequenz entstanden ist, die bei der Translation ein brauchbares Protein liefert.

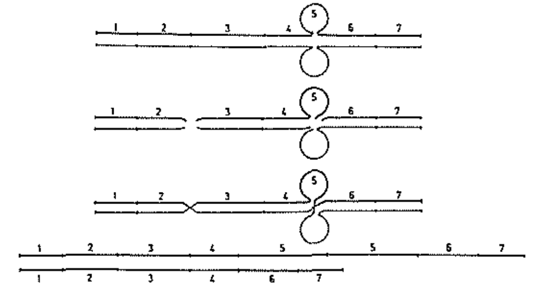


Abb. 18: Normales und illegitimes crossing over mit Genverdoppelung. Jeder Chromosomenstrang entspricht einer DNS-Doppelhelix.

Für die im Text gemachten, für die Frage nach der Entstehung der Lebewesen ganz entscheidenden Aussagen, daß und warum bei den Ein-

zelschritten der Kettenverlängerung durch Polykondensation keine Mutanten auftreten können, und für die darauf beruhende Berechnung der Wahrscheinlichkeiten für die Entstehung cooperativer Genfolgen ist die Art und Weise, wie im einzelnen sich die Kettenverlängerung abgespielt hat, und wie lang jeweils die neu angehängten Kettenstücke waren (nach dem Mechanismus der *Abb. 18* sind sie von Mal zu Mal verschieden lang), ohne jede Bedeutung. Die Annahme einer Kettenverlängerung in Genschritten ist daher völlig willkürlich, aber auch völlig korrekt, weil gleichwertig mit jeder anderen Schrittlänge. Genschritte bieten sich an, weil sie am leichtesten zu überblicken sind und weil man bei der Berechnung der Wahrscheinlichkeiten von der gesicherten Annahme ausgehen kann, daß es unter 10^{700} möglichen mindestens 10 000 im Hinblick auf die Funktion der exprimierten Proteine verschiedene Nucleotidsequenzen in Genlänge gibt.

7 Cooperative Gene - cooperative Sequenz

Jetzt, nachdem die Evolution bis zum Säugetierstadium fortgeschritten ist, sehen wir die DNS-Kette als Resultat einer in eine bestimmte Richtung gelaufenen Entwicklung vor uns. Vor 500 Millionen Jahren aber, als auf der Erde gerade die Entwicklung von einzelligen zu vielzelligen Lebewesen begann, konnte bei einem durch zufällige Genadditionen fortschreitenden DNS-Kettenwachstum noch niemand wissen, daß die Entwicklung einmal so laufen würde, wie sie gelaufen ist, weil zu dieser frühen Zeit sozusagen noch alle Wege offen standen. Hätte daher in jenen frühen Entwicklungsstadien nicht jede beliebige Genaddition zu irgend einer Art von Lebewesen führen können? Die Antwort ist "Nein". Zwar können wir nichts darüber wissen, welche Lebewesen es bei anderen Genanordnungen als den bei uns auf der Erde zu findenden noch geben könnte (vielleicht nur wenige, vielleicht auch sehr viele), d. h. niemand kann etwas über vielleicht realisierbare andere Wege und Ziele von irgendwelchen Evolutionen wissen, weil es solche Evolutionsziele nicht gibt (Darwins Evolutionsschema ist ja gerade dadurch gekennzeichnet, daß sie plan- und ziellos abläuft), aber:

Obwohl nach dem Darwinschen Modell oder nach einer in dieser Hinsicht völlig äquivalenten statistischen Copolykondensation, wie ich sie hier beschreibe, die Entwicklung in jedem Stadium nach vorn (in die Zukunft) völlig offen bleibt, ist dennoch die Addition des jeweils nächsten Gens, wenn dieses als eines von vielen auf dem Wege zu irgendwelchen neuen Klassen von Lebewesen tauglich sein soll, durch die Bedingung begrenzt, daß das jeweils neue Gen mit den schon vor-

handenen harmonisch cooperieren muß, wenn eine Weiterentwicklung überhaupt möglich sein soll.

Man kann den Begriff "cooperatives Gen", wenn auch nur in weiten Grenzen, quantitativ fassen:

Einerseits berechnet sich bei vier verschiedenen Kettenbestandteilen (Nucleotiden) und einer mittleren Gen-Kettenlänge von 1500 Nucleotiden die Anzahl der maximal möglichen verschiedenen Nucleotidsequenzen zu 4^{1500}, näherungsweise gleich 10^{1000}, denen jedoch wegen der Degeneration des Genetischen Codes (einer Aminosäure sind zwei bis vier Tripletts zugeordnet) nur 10^{700} verschiedene Proteine ent-sprechen (10^{700} ist eine unvorstellbar große, namenlose Zahl: eine 1 mit 700 Nullen). Nehmen wir an, daß von diesen Proteinen nur eines für eine bestimmte Funktion, z. B. als Enzym für eine bestimmte chemische Reaktion, geeignet ist, dann gibt es unter den 10^{700} maximal möglichen sequenzverschiedenen Genen in jedem beliebigen Evolutionsstadium nur ein cooperatives Gen. Da das mit Sicherheit zu wenig ist (man kennt verschiedene Proteine mit gleicher Enzymfunktion), kann man nur feststellen, daß der Anteil der cooperativen Gene größer als $1 : 10^{700}$ ist.

Andererseits läßt sich aus biochemischen Beobachtungen ableiten, daß ein Säugetierorganismus mehr als 10 000 (die Schätzungen liegen zwischen 30 000 und 100 000) verschiedene Proteine und ein Säugetiergenom somit mehr als 10 000 Gene enthält. Das ist eine untere Grenze, denn einmal ist eine Säugetier-DNS-Kette (Länge: ca. 1 m) lang genug, um Platz für ca. 2 000 000 Gene zu bieten; dann aber kann natürlich die Anzahl der im Hinblick auf die Funktion ihrer Proteine verschiedenen Gene (unter den maximal 10^{700} möglichen) auch viel größer sein als die Anzahl der Gene des Säugetiergenoms, nämlich bis in die Größenordnung von 10^{700}.

Freilich wird man zu bedenken haben, daß sich unter 10^{700} Genen bzw. Proteinen, selbst dann, wenn man annimmt, daß allesamt in ihrer Funktion verschieden sind, durchaus auch mehr als jeweils nur 1 cooperatives Gen pro Additionsschritt befinden kann. (Auch unter diesem Aspekt ist der Anteil der cooperativen Gene größer als $1 : 10^{700}$). Unter den 10 000 oder 50 000 Genen einer Säugetier-DNS-Kette dagegen kann es keine Austauschbarkeit geben. Jedes dieser 50 000 Gene paßt nur in seinen jeweiligen Kontext, wird zum Gen (zum Informationsträger) erst in der Cooperation mit bestimmten anderen, zum Beispiel zu einem Operon gehörenden Genen. Dasselbe gilt natürlich auch für jedes beliebige andere Säugetiergenom, ja mehr noch:

für jede nur denkbare als Genom taugliche DNS-Kette von der Länge einer Säugetier-DNS überhaupt.

Daher ist 1 : 10 000 nicht nur der höchste, sich an Fakten orientierende Anteil an sequenz- und funktionsverschiedenen Proteinen, sondern auch an cooperativen Genen, und folglich auch die höchste Wahrscheinlichkeit dafür, daß sich in irgendeiner bestimmten Evolutionssituation ein cooperatives Gen zufällig-von-selbst bildet.

8 Mutation und Rekombination

Evolutionsforscher *[32]* legen heute großen Wert auf die Feststellung, daß man unter Fachleuten schon seit Jahrzehnten nicht mehr von Mutationen als Motor der Evolution spricht, wenn das auch nicht stimmt *[33]*. Man weiß (so wird versichert), daß dafür nur Kettenverlängerungsschritte in Betracht kommen *[31]*, hat aber völlig übersehen, daß durch Anwachsen von Genen an die Kette (z. B. durch illegitimes crossing over[6]) keine testbaren Eigenschaftsänderungen und somit auch keine Selektion zustande kommen können, sondern tut vielmehr so, als könnte durch einzelne Rekombinations-(gleich Kettenverlängerungs-) schritte genau wie durch einzelne Mutationsereignisse, eine Selektion ausgelöst werden. Genau das aber ist nicht der Fall. Man spricht von Rekombinationen *[32]*, behandelt sie aber wie Mutationen, - eine bedauerliche Selbsttäuschung.

Um einen Begriffswirrwarr zu vermeiden, empfehle ich den Evolutionsforschern dringend, sich der im Bereich der Makromolekularen Chemie international üblichen Sprachregelung anzuschließen, wonach Kettenverlängerungsreaktionen der hier vorliegenden Art als "statistische Copolykondensation" oder kürzer "Polykondensation" bezeichnet werden. *[34]* Der Begriff der Mutation sollte auf solche Reaktionen beschränkt werden, durch die Mutanten entstehen, d. h. Individuen mit veränderten Eigenschaften.

9 Zwischenstufen bei Bio-Synthesen

Es wurde behauptet *[29]*, daß in früheren Evolutionsabschnitten auch die Zwischenstufen A bis K in *Abb. 9* jede für sich bereits eine von ihrer Bedeutung als Vorstufe zur Aminosäure losgelöste Bedeutung gehabt habe, die der betreffenden Zelle einen Selektionsvorteil verschafft habe vor solchen Zellen, die diese Zwischenstufe nicht synthetisieren konnten. Das trifft nicht zu. Man kann sich leicht klar machen, daß ganz im Gegenteil nicht einmal die Verfügbarkeit einer einzelnen

Aminosäure, für deren Synthese schon eine Folge von (im Mittel) 10 cooperativen Genen erforderlich ist, einen dauerhaften Vorteil für eine Bakterienzelle bedeutet hätte. Erst als alle für Proteinsynthesen notwendigen 20 Aminosäuren in einer Zelle mit Hilfe von mehr als 100 aufeinander abgestimmten Enzymen bzw. Genen synthetisch hergestellt werden konnten, hatte diese Zelle einen Selektionsvorteil vor solchen Ur-Einzellern, die weiterhin auf die irgendwann in früher Erdenzeit als Aminosäurequelle immer unzuverlässiger werdende Ursuppe angewiesen waren.

Ähnliche Überlegungen für die vielen anderen biochemischen Synthesen und Synthesezyklen zeigen, wie vielfältig alle miteinander verflochten sind. Von primitiveren Vorstufen z. B. der Transcriptions-Translationseinrichtung oder der Photosynthese oder anderer Basiselemente des Zellenlebens läßt sich leichthin sprechen, aber bei genauerem Hinsehen stellt man fest, daß sie einfacher, als sie jetzt sind, nicht funktionsfähig wären. Die Zelle ist eine Lebenseinheit, aus der sich nichts entfernen läßt, ohne das Ganze zu zerstören.

10 Darwins Lehre ist eine Zufallstheorie

Zufall ist nicht der einzige Begriff, dessen Definition große Schwierigkeiten bereitet. Trotzdem weiß jeder, was Zufall ist. Definitionsschwierigkeiten dürften daher nicht der Grund sein, warum maßgebliche Evolutionsforscher sich nicht einig sind, wie sie es mit dem Zufall halten sollen *[13]*. Die einen, wie z. B. J. Monod *[35]*, C. Bresch *[24]* und R. Riedl *[4]* versichern mit Nachdruck, daß in der Evolution alles auf Zufall beruht, und andere, wie M. Eigen *[36]* sprechen von gesteuertem Zufall oder, wie E. Mayr, gar davon, daß man Darwins Selektionstheorie nicht verstanden habe, wenn man sie eine Zufallstheorie nenne *[37]*. Zur Klarstellung sei gesagt: Jede chemische Reaktion als molekulares Einzelereignis ist ein typisches Zufallsereignis (wie Würfeln). Folglich ist auch Darwins Selektionstheorie, wonach von den durch zufällige Änderung der Nucleotidreihenfolge bei der Replikationsreaktion entstandenen Mutanten nur die übrigbleiben, deren Eigenschaften sich so verändert haben, daß sie in der Gegend, in der sie gerade leben oder in die sie gelangen, überleben, d. h. sich fortpflanzen können, eine reine Zufallstheorie. Mutation-Selektion ist und bleibt ein Zufallsgeschehen, ebenso wie auch die Entstehung von neuen Genen beim DNS-Kettenwachstum durch statistische Copolykondensation, wie ich es hier beschreibe, ein Zufallsgeschehen ist, wenn nicht intelligent planende Kräfte steuernd eingreifen, - so, wie heute bei Gensynthesen in gentechnischen Laboratorien.

11 Leben im Weltall? - 10^{700} verschiedene Gensequenzen sind verfügbar - Leben auf der Erde: Nur 10^5 davon enthält ein Säugetier-Genom

Wir haben hier bei uns auf dem Planeten Erde nur ein konkretes Beispiel für eine Lebensentwicklung vor uns und wissen nicht, ob und wieviele weitere Fälle einer solchen oder ähnlichen Entwicklung sich auf anderen Planeten anderer Sterne in den Weiten des Weltalls abgespielt haben oder abspielen werden, und können daher im Grunde auch nicht wissen, ob ganz andersartige Formen von Leben realisierbar sind. Wir kennen jedoch die (wie die Spektren ausweisen) im ganzen Weltall gleichen 92 Elemente des Periodensystems und ihre Eigenschaften und wissen, daß das Element Kohlenstoff wie kein anderes zur Bildung langer kettenförmiger Moleküle geeignet ist. (Man kennt kohlenstoff-freie Kettenmoleküle sonst nur noch bei wenigen anderen Atomen, z. B. bei Polymer-Schwefel oder als alternierende Folge von Silicium- und Sauerstoffatomen).

Wie eng begrenzt selbst auf der Basis von Kohlenstoff enthaltenden Molekülen die Möglichkeiten sind, erkennt man z. B. daran, daß gewisse Basis-Mechanismen wie Transcription-Translation oder die Zuordnung von Tripletts und Aminosäuren keine Alternative zulassen. Zumindest haben sich solche nicht halten können. Wenn es daher "Leben auf anderen Sternen" gibt, dürfte es dem unsrigen ziemlich ähnlich sein.

Die Frage "Konnte Leben von selbst entstehen?" bezieht sich indessen zunächst einmal auf unser Leben, auf das Leben, wie wir es kennen, und nicht auf extraterrestrische noch irdische Alternativen, d. h. ich kümmere mich jetzt nicht um die 10^{700} Gene oder Nucleotidsequenzen in Genlänge (weil man nicht weiß, wie viele unter diesen 10^{700} maximal möglichen informationsäquivalent sind, d. h. Proteine mit gleicher Enzymwirkung oder gleichen Eigenschaften als Strukturproteine hervorbringen), sondern gehe von dem aus, was man sicher weiß, nämlich, daß ein Säugetierorganismus ca. 50 000 verschiedene Proteine und somit auch Gene besitzt, und daß diese 50 000 Gene nicht irgendwann gleichzeitig entstanden, sondern im Laufe von einigen 100 Millionen Jahren nach und nach (vielleicht stetig, vielleicht schubweise) zu einer langen, bzw. immer länger werdenden DNS-Kette herangewachsen sind und so heute das Genom eines der vielen Milliarden Säugetiere bilden.

Da ich hier zunächst, wie heute allgemein üblich, von der Annahme ausgehe, daß intelligente Steuerung nach Art etwa der planmäßigen

Durchführung von Gensynthesen, auszuschließen ist, und - wie wir gesehen haben - auch eine "Steuerung" durch Selektion nicht möglich ist, ist dieser Prozeß als statistische Copolymerisation mit 50 000 verschiedenen Genen als Monomereinheiten zu beschreiben. Diese Beschreibung hat davon auszugehen, daß das Genom eines bestimmten Säugetiers mit seiner definierten Nucleotidsequenz nur entstehen konnte, wenn in jeder durchlaufenen Evolutionssituation gerade das richtige, nämlich ein ganz bestimmtes von 50 000 sequenz- und informationsverschiedenen Genen an die DNS-Kette addiert bzw. durch Anschluß an die Transcriptions-Translations-Organe in Betrieb genommen wurde. Die Wahrscheinlichkeit, daß dies geschieht, ist 1 : 50 000 (im Text habe ich auf 1 : 10 000 abgerundet).

Was hier von der als Genom dienenden DNS-Kette eines ganz bestimmten Säugetieres gesagt wird, gilt in gleicher Weise für jedes beliebige andere Säugetiergenom, - nicht nur für solche, die wir hier auf der Erde realisiert finden, sondern auch für jedes andere denkbare Genom mit ähnlich langer DNS-Kette überhaupt. Daher ist die Aussage, daß in jedem Evolutionsstadium das Verhältnis von gerade jetzt brauchbaren, d. h. in den Kontext der bereits vorliegenden DNS-Kette passenden oder anpaßbaren (cooperativen) zu gerade in dieser Situation nicht brauchbaren Genen kleiner als 1 : 50 000 war, allgemeingültig.

12 "Auch sehr Unwahrscheinliches ereignet sich, wenn ... "

Aussagen, wie die von W. Stegmüller *[38]*: "Auch sehr Unwahrscheinliches ereignet sich, wenn eine hinreichend lange Zeit zur Verfügung steht" oder die von C. Bresch *[24]*: "Würfelergebnisse sind Zufall - das Würfeln der nächsten >6< wird aber zur Notwendigkeit, wenn man es nur oft genug versuchen kann" im Zusammenhang mit der Frage nach der Entstehung des Lebens sind leeres Gerede, wenn man es versäumt, danach zu fragen, was man unter "Unwahrscheinliches" und unter "hinreichend lange Zeit", bzw. unter ">6<" und unter "Oft genug" verstehen soll. Ich habe mir erlaubt, das Versäumte nachzuholen. Hier ist die Antwort: Die Wahrscheinlichkeit ("Unwahrscheinlichkeit") für die Realisierung einer von 10 vorsichtshalber angenommenen Zwischenstufen der DNS-Wachstumskurve durch statistische Copolykondensation auf dem Wege zu einer neuen Klasse von Lebewesen gemäß *Abb. 7* ist 1 : 10^{4000}. Die einzig ehrliche Interpretation dieser Wahrscheinlichkeit ist: Die Lehre Darwins von der Entstehung der Arten und des Lebens überhaupt durch Mutation und Selektion war und ist ein großer Irrtum. Hinweise auf die lange Zeit von 4 Milliarden Jahren

ändern an dieser Sachlage ebensowenig wie die Zuflucht zu klingenden Wortschöpfungen wie "Fulgurationen" (K. Lorenz) für extrem unwahrscheinliche Ereignisse.

Was die lange Zeit betrifft, so ist diese zunächst einmal in der Definition der mathematischen Wahrscheinlichkeit (um diese handelt es sich hier) gar nicht enthalten. Man kann sie aber in die Gesamtbetrachtung hereinbringen, wenn man die Zeitdauer eines Ereignisses (z. B. eines Würfelvorgangs oder des mittleren Mutationsabstands) kennt, und berücksichtigt, daß die Anzahl der Versuche bis zum jeweils nächsten Erfolgsereignis wiederum ein Mittelwert ist: Man kann eine Sechs schon beim nächsten Versuch würfeln, es kommt aber auch vor, daß man es 20 Mal und öfter versuchen muß, bis sich das erwünschte Ergebnis einstellt, aber im Mittel (bei 1000 oder 10 000 Würfen) hat man nach 6 Würfelversuchen Glück. So wird auch im Mittel nach jeweils 50 000 Genbildungsereignissen ein cooperatives Gen entstehen, und im Mittel nach rund 10^{40} "Versuchen" würde eine cooperative Genfolge von 10 Genen zu erwarten sein. Die Dauer eines "Versuchs" beträgt nach dem Mechanismus der *Abb. 18* mindestens 750 mal 20, gleich 15 000 Minuten (rund 20 Minuten ist die Zeit zwischen zwei Zellteilungen bei E.coli-Bakterien und 750 ist die mittlere Anzahl von Mutationsereignissen nach einem Kettenverlängerungsschritt um Genlänge gemäß *Abb. 18*). Also ist 10^{40} mal 15 000, gleich näherungsweise 10^{44} Minuten der Mittelwert für die Zeit, in der man die Entstehung einer Folge von 10 cooperativen Genen zu erwarten hat, durch die die Synthese eines neuen Stoffes bewirkt wird. Das Universum existiert seit dem Urknall 10 bis 20 Milliarden Jahre oder 10^{18} Sekunden, eine winzig kleine Zeit, wenn man sie mit den 10^{44} Minuten vergleicht, die im Mittel vergeht, bis in einer lebenden Zelle ein neuer Stoff von selbst entsteht.

13 Selbstorganisation: Selbstmontage und Struktur

Wesen und Bedeutung der atomaren Struktur der Materie wurden von Demokrit (um 400 v. Chr.) in bewundernswerter Klarheit erkannt: "So wie die Tragödie und die Komödie mit den gleichen Buchstaben niedergeschrieben werden können, so kann auch sehr Verschiedenartiges in der Welt durch die gleichen Atome verwirklicht werden, sofern sie nur verschiedene Stellungen einnehmen und verschiedene Bewegungen ausführen."

Man kann sich das Zufällig-Zwangsläufige der Von-selbst-Entstehung von Gebilden mit bestimmten Strukturen, d. h. mit bestimmten Anordnungen ihrer Bestandteile mit Hilfe eines einfachen mechanischen

Modells klarmachen, das früher als Kinderspielzeug beliebt war: Es besteht aus einem flachen Kasten mit einer ebenen Platte, die in regelmäßigen Abständen zahlreiche, gleich große Bohrungen enthält, in die man Kugeln hineinlegen kann, so daß sich durch entsprechende Anordnung der Kugeln allerlei geometrische Muster (Strukturen) konstruieren lassen. Die Muster haben ein gefährdetes und daher meist nur kurzes Dasein. Schon beim geringsten Anstoß hüpfen die Kugeln aus ihren Positionen heraus, und die Muster oder Figuren sind irreversibel zerstört, es sei denn, man hat sie im Gedächtnis, in Form einer Zeichnung, eines Photos oder digital gespeichert. Von selbst, durch bloßes Rütteln, finden die Kugeln ihre alten Plätze nicht mehr, weil alle die vielen möglichen und denkbaren Anordnungen gleich stabil sind. Erst wenn man diejenigen Bohrungen, die zusammen die Figur ergeben, vergrößert, und so den in diese Löcher hineinrollenden Kugeln einen stabileren Sitz ermöglicht als den anderen, bildet sich das so bevorzugte und gekennzeichnete Muster von selbst, d. h. durch bloßes Rütteln, wieder zurück, sobald die Rüttelbewegung oder Vibration (Simulation der Brownschen Wärmebewegung der Moleküle, Atome oder Elementarteilchen) ein gewisses Maß unterschritten hat. Dann nämlich bleiben die in die größeren Bohrungen hineinfallenden Kugeln darin liegen, während die übrigen Kugeln noch weiter auf der Platte herumtanzen und bei leichtem Neigen herabrollen, so daß die durch die größeren Löcher stabilisierte Figur sichtbar wird. Verstärkt man die Rüttelbewegung, springen oberhalb einer gewissen Schwellenenergie (-temperatur) auch die stabiler gelagerten Kugeln aus ihren Positionen, um bei Verminderung der Vibationsenergie (bei sinkender Temperatur) wieder in ihre Bohrungen hineinzufallen oder von ihnen eingefangen zu werden.

So fanden sich unterhalb 300 Millionen Grad (30 Minuten nach dem Urknall) die Quarks zu stabilen Dreiergruppen zusammen und bildeten die Elementarteilchen (Protonen, Neutronen, Elektronen). Unterhalb 50 000°C (500 000 Jahre nach dem Urknall) vereinten sich Protonen und Elektronen zu Wasserstoff-Atomen und unterhalb 300°C schließlich können Atome zu Molekülen zusammentreten, die bei noch niedrigeren Temperaturen zu Kristallen aggregieren.

Der Stabilitätsgrad der verschiedenen Strukturen (Atome, Moleküle, Kristalle) wird, anders als im Modell, durch Größe und Reichweite der zwischen den wechselwirkenden Teilchen wirksamen Anziehungskräfte bestimmt, bei größeren Teilchen wie Makromolekülen (Durchmesser 1/100 000 bis 1/10 000 mm) auch noch durch ihre Oberflächengeometrie, die durch die Art der Faltung und Knäuelung der in diesen Ma-

kromolekülen meist vorliegenden Helices, spiraligen Ketten aus kleineren Molekülen, geprägt wird.

Nur dadurch also, daß gewisse Teilchenanordnungen oder Strukturen unter gegebenen Temperaturbedingungen eine größere Stabilität besitzen als alle anderen unter diesen Bedingungen denkbaren Strukturen, bilden sie sich immer wieder von selbst zurück, sooft sie auch (z. B. durch Erwärmen oder Auflösen) zerstört werden. Deshalb auch hört die Möglichkeit der bevorzugten Entstehung von bestimmten Strukturen durch Selbstmontage oder Selbstorganisation da auf, wo alle alternativ denkbaren Strukturen die gleiche Stabilität besitzen.

Genau das ist der Fall bei den unvorstellbar vielen (10^{700}) verschiedenen DNS-Makromolekülen, die sich nur durch die Reihenfolge der vier Nucleotid-Kettenbestandteile A, T, C und G unterscheiden. Da alle die vielen Sequenzen energetisch völlig gleichwertig sind, ist die Wahrscheinlichkeit, daß sich eine bestimmte Reihenfolge zufällig von selbst bildet, um so unwahrscheinlicher, je länger die Kette ist.

Die Bevorzugung bestimmter Sequenzen vor sehr vielen (mehr als 50 000) anderen, die wegen völlig gleicher Stabilität alle die gleiche Bildungschance bei der Synthese haben, wird erst durch den Vorgang der biologischen Auslese ermöglicht bzw. erzwungen. Durch die Reihenfolge der Nucleotide in den DNS-Ketten der Gene erhält die lebende Zelle Anweisungen zur Ausprägung bestimmter Proteine *(s. Abb. 17)* und damit bestimmter Eigenschaften, die sich im Lebenskampf als mehr oder weniger vorteilhaft erweisen können, und damit auch eine mehr oder weniger große Stabilität der betreffenden Sequenzen (durch Weitergabe von Generation zu Generation) gewährleisten. Was Darwin nicht wissen konnte und Darwinisten nicht wissen wollen oder nicht bedenken, ist, daß Genauslese nur möglich ist, wenn neue Gene sich phänotypisch manifestieren können, und dieses wiederum erst dann möglich ist, wenn Hunderte bis Tausende von neuen Genen eine cooperative Einheit bilden, die in ihrer Gesamtheit erst die phänotypische Ausprägung neuer, im Leben testbarer Eigenschaften ermöglicht. Die Entstehung einer solchen cooperativen Einheit von neuen Genen, die nicht nur untereinander, sondern auch mit den schon vorhandenen Genen cooperieren, geschieht daher zwangsläufig im Verborgenen, - ohne die Möglichkeit der Auslese von Stufe zu Stufe.

14 "Die richtigen Moleküle reagieren schneller"

Die kettenblockierende Wirkung von monofunktionellen Molekülen oder bifunktionellen Molekülen einer Sorte im Überschuß ist eine unmittelbare Folge der Stöchiometrischen Gesetze für den Fall der Polykondensation. Diese Gesetze, die sich direkt aus der atomaren Struktur der Materie ableiten, sind daher grundlegend für alle chemischen Reaktionen.

Heute, nachdem die atomare Struktur der Materie eine allgemein anerkannte Selbstverständlichkeit geworden ist, ist auch die Aussage der Stöchiometrischen Gesetze eine Selbstverständlichkeit: Ein Atom der Sorte A reagiert mit einem Atom der Sorte B zu AB (oder mit 2 B zu AB_2 oder mit 3 B zu AB_3). Sind mehr B-Atome da, als mit A reagieren können, bleiben sie übrig, im Falle der Polykondensation als freie Kettenenden. Und je mehr freie Kettenenden da sind, desto kürzer sind die Ketten. Zum Zwecke der quantitativzahlenmäßigen Beschreibung hat man das Zahlenverhältnis der beiden funktionellen Gruppen $n_A/n_B = q$ gewählt, was freilich nur für den Reaktionstyp der *Abb. 11b* mit einem Überschuß des einen oder anderen Monomeren paßt. Daher muß man für den Reaktionstyp der *Abb. 11a* und die Beteiligung monofunktioneller Moleküle einen Äquivalent-Wert q^* einführen (s. *Abb. 13*).

Von M. Eigen *[15]* wurde die Vermutung geäußert, daß die richtigen Moleküle (die bifunktionellen) schneller reagieren als die das Kettenwachstum blockierenden monofunktionellen. Das ist eine wirklichkeitsfremde Wunschvorstellung. Zwar hängt die Reaktionsgeschwindigkeit von funktionellen Gruppen wie OH, NH_2, oder COOH oft von der Größe des Molekülrestes ab, an dem sie hängen, aber in aller Regel so, daß Gruppen, die sich an größeren Molekülen befinden, wegen sterischer Behinderung langsamer reagieren. d. h. wenn im Falle der DNS- und Proteinsynthesen in Ursuppen ein Unterschied in der Reaktionsgeschwindigkeit von verschiedenen Molekülen mit gleichen funktionellen Gruppen bestehen sollte, so reagieren die kleinen monofunktionellen das Kettenwachstum blockierenden Gruppen allemal schneller als die viel größeren bifunktionellen "richtigen" Nucleotidmoleküle. Warum wohl hätte L. Orgel *[39]* bei seinen DNS-Syntheseversuchen seine bifunktionellen Monomeren in so ungewöhnlich sorgfältiger (und natürlich auch aufwendiger) Weise von allen monofunktionellen Verunreinigungen gereinigt, wenn sie als die richtigen ohnehin so viel schneller reagieren, wie Eigen es gern sähe und die monofunktionellen, "die nicht zur Kette taugen, selbst in großem Überschuß vorhanden sein können, ohne mit den Nucleinsäurebau-

steinen zu interferieren" *[15]*? In einer anderen Arbeit *[40]* hat L. Orgel berichtet, daß die nicht-richtigen Aminogruppen bei seinen Experimenten 50 Mal rascher reagierten als die richtigen OH-Gruppen. Auch Eigens Vermutung, die sogenannten Stapelkräfte würden bewirken, daß die Kettenbildungsreaktion bevorzugt wird (übrigens eine wohlbegründete Vermutung) konnte durch Synthese-Experimente von L. Orgel nicht bestätigt werden *[40]*. Was schließlich den katalytisch beschleunigenden Effekt von Schwermetall-Ionen wie Blei und Zink (Pb^{++} und Zn^{++}) betrifft, so wird dieser zwar für die Kettenbildungsreaktion hervorgehoben *[15]*, ohne, wie es korrekt wäre, dazu zu sagen, daß auch die Kettenspaltungsreaktion, die Hydrolyse, durch die Metallionen in gleicher Weise beschleunigt wird *[41]*. Nichts also spricht dafür, daß bifunktionelle Moleküle schneller reagieren als monofunktionelle, die durch ihre Reaktion das Kettenwachstum blockieren. Experimente bestätigen eher das Gegenteil.

15 Thermodynamisch offene und geschlossene Systeme. - Der Gleichgewichtszustand

Quantitativ wird der Einfluß von Wasser auf die Kettenlänge von Makromolekülen, die durch Polykondensation entstehen, durch folgende, auf der Basis des Massenwirkungsgesetzes abgeleitete Gleichung beschrieben:

$$P_n = K_p/[H_2O] \cdot p \qquad \text{(Gleichung 3)}$$

P_n = Gleichgewichts-Polymerisationsgrad (Maß für die Kettenlänge)

K_p = Gleichgewichtskonstante

$[H_2O]$ = relative Wasserkonzentration

p = Umsatz

Von M. Eigen *[15]* wurde darauf hingewiesen, daß diese Gleichung auf der Basis des Massenwirkungsgesetzes abgeleitet wurde und daher nur für den Gleichgewichtszustand gelte, d. h. für thermodynamisch geschlossene Systeme. Die Erde aber sei ein thermodynamisch offenes System, also könne man die Gleichung nicht anwenden.

Das ist ein Trugschluß, denn die Aussage der unbestritten auf gleichgewichtsthermodynamischer Basis abgeleiteten Gleichung (3) (s. *[34]* Seite 18 ff.), daß die Gleichgewichts-Kettenlänge P_n um so kleiner ist, je größer die Wasserkonzentration $[H_2O]$ ist, gilt für offene Systeme ebenso wie für geschlossene, ja sie ist gerade für offene Systeme von

besonderer Bedeutung, insofern sie angibt, um wieviel die Gleichgewichts-Kettenlänge kleiner oder größer wird, wenn sich die Wasserkonzentration [H_2O] durch Zufuhr oder Entzug von Wasser ändert. Sie gilt nur dann nicht, wenn sich die Wasserkonzentration so schnell ändert, daß das System mit der Einstellung des jeweils neuen, zu der veränderten Wasserkonzentration gehörenden Polymerisationsgrades P_n nicht nachkommt. Davon kann aber in Ursuppen keine Rede sein: Die Wasserkonzentration in Bezug auf die gelösten Aminosäuren und Proteine kann, über längere Zeit betrachtet, als praktisch konstant gelten. Zwar kann sich die Wasserkonzentration beim Eintrocknen von Urtümpeln stark erniedrigen. Dann wird theoretisch die Kettenlänge P_n gemäß Gleichung (3) größer, aber nur vorübergehend, weil der nächste Regen etwa gebildete Polymere auflösen, verdünnen und ins Meer befördern würde, wo sich alsbald der alte, sehr niedrige Polymerisationsgrad gemäß Gleichung (3) wieder einstellt.

In offenen Systemen können sich stationäre Gleichgewichte (Quasi-Fließgleichgewichte) einstellen, für die Gleichung (3) ebenso gilt wie für thermodynamische Gleichgewichte. In kontinuierlich-stationär ablaufenden chemischen Prozessen findet ein ständiger Stoff- und Energieaustausch mir der Umgebung statt, der so geregelt wird, daß pro Minute gleiche Mengen Ausgangsstoffe (z. B. bifunktionelle Monomere) dem Reaktor zugeführt, wie Reaktionsprodukte (Polymer und Wasser) ausgetragen werden. Ganz so hätte man sich auch die Entstehung von DNS in Ursuppen vorzustellen, wenn sie möglich gewesen wäre.

Schließlich ist es denkbar, daß sich selbst in wässriger Lösung oder im Kontakt mit Wasser durch eine besonders rasch verlaufende Kettenaufbaureaktion lange Ketten bilden, wie z. B. bei der Nylonsynthese durch Grenzflächenpolykondensation (s. Seite 33). Wenn dann, wie in diesem Falle, die Hydrolysereaktion wegen der Wasserunlöslichkeit des Nylon-Polymeren vergleichsweise langsam verläuft,[#6] so bleibt das gebildete Polymere erhalten. Ist aber das Polymere in Wasser löslich, wie DNS, unterliegt es der hydrolytischen Kettenspaltung bis zur Gleichgewichtskettenlänge P_n, was praktisch auf eine Zerstörung der DNSKette hinausläuft, die in lebenden Zellen durch Reparaturenzyme verhindert wird.

Nur der hohen Effizienz der Reparaturenzyme, man ist versucht, zu sagen: ihrer Wachsamkeit, verdanken wir es, daß die DNS-Makromo-

---

#6 Diesen Effekt macht sich die Natur nutzbar, indem sie Virus-DNS und -RNS mit einer Hülle aus dicht gepackten Proteinmolekülen umgibt. Diese Hülle ist in wässrigen Medien unlöslich.

leküle mit ihren ungewöhnlich langen Ketten aus vielen Millionen Nucleotiden über so lange Zeit und so weit ab vom Gleichgewicht stabil sind. Wo immer eine Kette bricht, die Reparaturenzyme sind sofort zur Stelle und reparieren den Schaden. Nach dem Tode der Individuen stellen sie ihre Tätigkeit ein, und die DNS zerfällt, wie die anderen Zellbestandteile.

Wenn man von der Ursuppe eines sicher weiß, so dies, daß sie ein totes Gewässer war, in welchem es keine Reparaturenzyme gab, so daß DNS-Ketten, sollten sie (wie immer) einmal entstanden sein, durch nichts gehindert wurden, dem Gleichgewicht zuzustreben.

Ist der Zustand des thermodynamischen Gleichgewichts erst einmal erreicht, kann sich nichts mehr ändern. Das folgt unmittelbar aus der Definition des Gleichgewichts, gemäß welcher z. B. in der Gibbs-Helmhotz-Gleichung die Antriebsenergie für Zustandsänderungen jedweder Art null wird. Nicht nur Leben ist daher ein weitab vom Gleichgewicht ablaufendes Geschehen ("ein notorisches Nicht-Gleichgewichtsphänomen", wie M. Eigen es nennt), sondern alles und jedes, was in der Welt geschieht, spielt sich mehr oder weniger weit vom Gleichgewicht entfernt ab, - immer so, daß durch jede freiwillig von selbst ablaufende Zustandsänderung eines Systems dieses dem Endzustand des Gleichgewichts ein Stück näher rückt, bis es schließlich erreicht ist und nichts mehr geschieht.

Wenn ein Prozeß wie das Leben in Gang bleiben soll, ist dies nur durch ständige Stoff- und Energiezufuhr möglich. Der Kreislauf des Lebens wird von der Sonne angetrieben, deren eingestrahlte Energie durch den Assimilationsprozeß dafür sorgt, daß sein Abstand vom thermodynamischen Gleichgewicht erhalten bleibt. Dieser Abstand ist lebensnotwendig, aber nicht ausreichend für Entstehung und Erhaltung des Lebens. Vielmehr hat die seit vielen Jahrzehnten betriebene Erforschung der Synthesen makromolekularer Stoffe gezeigt, daß DNS-Makromoleküle mit cooperativer Gensequenz, und somit die genetische Information, nicht von selbst entstehen können.

16 Schöpfung durch Evolution

Den erfolgreichsten Versuch, Darwins Abstammungslehre unter christlichheilsgeschichtlichen Aspekten zu sehen, hat zweifellos der französische Jesuitenpater Teilhard de Chardin unternommen. Er hat die kosmische und die Bio-Evolution zu einer großen Aufwärtsentwicklung zusammengefaßt, die von primitiven Anfängen über immer komplexere Entwicklungsstufen bis hin zur höchsten Vollkommenheit im Zu-

stand leuchtender Vergeistigung, genannt Omega, führt. Pater Teilhards große Schau wurde und wird von vielen Christen in ihrer Pascal-Situation der Gratwanderung dankbar als Ausweg in schier auswegloser Situation begrüßt, sowohl von Theologen mit naturwissenschaftlicher Bildung als auch von Naturwissenschaftlern mit theologischen Ambitionen. Carsten Bresch, der bekannte Freiburger Molekularbiologe, ist von Pater Teilhards Vision begeistert und nennt ihn den "Thomas des 20. Jahrhunderts", womit er keineswegs unrecht hat, denn beide treffen sich ja in ihrem großangelegten, wenn auch vergeblichen Bemühen, christliche Lehre und Wissenschaft harmonisch zu verbinden - wenn schon nicht im Sinne der mittelalterlichen Scholastik, so doch vielleicht im Sinne Hegel'scher Dialektik: "Das Leben ist - wie das ganze Weltall - durch schöpferische Akte eines allmächtigen, planenden Gottes entstanden". Das ist die These, und die Antithese wäre dann: "Das Leben ist durch zufällige Zusammenstöße geeigneter Moleküle im Rahmen der Wärmebewegung ohne göttliches Zutun, durch Selbstorganisation entstanden". Die Synthese schließlich gipfelt in der Aussage: "Schöpfung geschah durch Evolution. Evolution ist der Weg der Schöpfung und damit der Heilsgeschichte. Evolution ist der Weg der gefallenen Schöpfung heim ins ewige Vaterhaus (Teilhard)."

Wer so vorgeht, verwendet zwei grundverschieden definierte Begriffe von Evolution in einer Argumentationskette. Teilhard verwendet beide Evolutionsbegriffe, wie es gerade paßt.

Nüchternes und ehrliches Überdenken unserer Situation führt zu der Einsicht, daß Evolution ohne Selbstorganisation keine naturwissenschaftliche Theorie und Evolution mit Selbstorganisation keine christliche Heilslehre ist.

17 Konsequenzen und Alternativen

Darwins Lehre, unter Einbeziehung der molekularen Selbstorganisation, hat - um es mit den Worten des Göttinger Nobelpreisträgers Manfred Eigen zu sagen - "dem Jahrhunderte aufrecht erhaltenen Schöpfungsmystizismus ein Ende gesetzt; sie hat vollendet, was Galilei begann." *[35]*

Wissen tritt an die Stelle von Glauben, Forschung an die Stelle von Offenbarung, und das mit letzter Konsequenz: Nicht einzelne Bibelstellen geraten in Widerspruch zu entsprechenden Aussagen der Naturwissenschaften, sondern jedwede Art von göttlicher Offenbarung erweist sich als Irrtum, ja, mehr noch, als Schwindel, denn den göttlichen Schöpfer, auf den diese an besonders Auserwählte ergangenen und in

heiligen Büchern aufgezeichneten Offenbarungen zurückgehen sollen, gibt es garnicht. Von dieser zwingenden Konsequenz des Darwinismus, wie auch von den sich daraus ergebenden ethischen Konsequenzen, wird heute wenig gesprochen. Vom Gesetzgeber werden sie (darin sind sich alle Länder einig) nicht oder noch nicht zur Kenntnis genommen.

Statt dessen hat man immer wieder versucht, den Darwinismus ideologisch zu entschärfen. Unvergessen sind die frühen Versuche amerikanischer Theologieprofessoren des 19. Jahrhunderts *[26]*, die bei uns durch die darauf beruhende Kosmologie Teilhard de Chardins zu großer Popularität gelangt sind: Evolution ist die naturwissenschaftliche Form einer kosmisch erweiterten christlichen Heilslehre und Eschatologie, wonach die fortgesetzte Folge von Mutation und Selektion schließlich und endlich zu jenem geistverklärten Menschen führt, der in Anlehnung an die Geheime Offenbarung mit dem Symbol Omega benannt ist. Er wird das Antlitz der Erde erneuern, so daß sie im Glanz ihrer Noosphäre (Teilhard) leuchtet. *[42]*

In den letzten Jahren ist von philosophischer und theologischer Seite *[43]* der Versuch gemacht worden, die Evolutionslehre durch Spaltung abzuschwächen. Es seien nämlich, so wird erklärt, zwei Arten von Darwinismus oder Evolutionslehre zu unterscheiden: Erstens die streng naturwissenschaftliche Theorie der Evolution und zweitens eine ideologische Vulgärform des Darwinismus, den man am besten als Evolutionismus kennzeichne. Die streng wissenschaftliche Evolutionstheorie sei mit den Genesisauslegungen von Augustinus und Thomas durchaus kompatibel *[44]*, während jene andere, Evolutionismus genannte Ideologie sich selbst widerlege, weil sie vielbezeichnend, inkonsistent und vitiös zirkulär sei und eine unmögliche Fundamentalgrammatik habe (O. Marquard *[43]*).

Dieser Versuch der Spaltung in eine weltanschaulich neutrale, streng naturwissenschaftliche Evolutionstheorie einerseits und eine lärmend-plakative Evolutions-Ideologie ohne naturwissenschaftliche Basis andererseits geht elegant an der Wirklichkeit vorbei. In Wirklichkeit nämlich gibt es nur die eine von Charles Darwin in seinem berühmten Buch *[3]* 1859 erstmals veröffentlichte Evolutionstheorie, die zunächst noch keine naturwissenschaftliche Theorie war, weil man sie mit naturwissenschaftlichen Methoden weder stützen noch widerlegen konnte, weil man nicht wußte, ob und wie die Entstehung der Darwin'schen Varietäten wissenschaftlich (physikalisch-chemisch) zu erklären ist. Das aber änderte sich grundlegend mit O. T. Averys Beobachtung, daß DNS-Makromoleküle die Träger der genetischen Information sind, und den daraufhin (ab 1944) einsetzenden, ungemein er-

folgreichen Arbeiten zur Aufklärung des genetischen Code und der Weitergabe der genetischen Information durch Replikation, so daß Mutationen und damit die Entstehung der Darwin'schen Varietäten als definierte chemische Reaktionen#7 formulierbar waren.

Seither hat die Evolutionstheorie das Odium der Ideologie, das ihr seit Haeckel und Teilhard anhaftete, abgestreift und ist eine streng naturwissenschaftliche Theorie geworden, deren physikalisch-chemische Voraussetzungen sich mit Hilfe naturwissenschaftlicher Methoden, nämlich experimentell, überprüfen lassen.

Die wichtigste physikalisch-chemische Voraussetzung für die Richtigkeit der Evolutionstheorie ist die, daß lange DNS-Kettenstücke ($P > 1000$ Nucleotide) mit cooperativer Nucleotidsequenz von selbst entstehen können. Die Überprüfung der Evolutionstheorie hat sich daher ganz auf die Frage zu konzentrieren: "Können DNS-Kettenmoleküle mit cooperativer Sequenz von selbst entstehen oder nicht?"

Die überraschende Antwort heißt: "Nein, sie können deshalb nicht von selbst entstehen, weil die Einzelschritte des Kettenwachstums (die Addition der Kettenbestandteile) sich nicht phänotypisch manifestieren und somit keine Selektion auslösen können." Letztlich liegt das daran, daß Evolution (Entstehung neuer Arten) nicht auf einer Folge von Mutationen (zwangsläufig immer begleitet von Selektion) beruht, sondern auf einer Folge von (im Sinne Darwins ebenfalls zufälligen) Additionsreaktionen an eine wachsende DNS-Kette (zwangsläufig immer ohne Selektion) *[34] [13]*.

Solche Kettenbildungsreaktionen verlaufen von selbst (ungesteuert) immer nach dem Schema der statistischen Copolykondensation. Bei dieser ist die Sequenzlängenverteilung, und damit die Sequenz, durch die auf der Basis einer einfachen Würfelstatistik abgeleitete Copolymerisationsgleichung gegeben, die für eine 2-Komponentenkette folgende Form hat *[45]*:

$$\frac{l_1}{l_2} = \frac{m_1}{m_2} = \frac{r_1\,([M_1]/[M_2])+1}{r_2\,([M_2]/[M_1])+1} \qquad \text{(Gleichung 4)}$$

#7 Von den normalen, im Laboratorium untersuchten chemischen Reaktionen unterscheiden sich Mutationen nur dadurch, daß sie als molekulare Einzelereignisse in Keimzellen stattfinden, derart, daß an einer Stelle die Nucleotid-Reihenfolge verändert wird. Welches Nucleotid bzw. Triplett durch die Mutation betroffen wird, ist ganz dem Zufall überlassen.

Die Wahrscheinlichkeit W_P , daß durch statistische Copolykondensation gemäß Gleichung (4) ein cooperatives, in den Kontext der schon vorhandenen Kette passendes neues DNS-Stück entsteht, hängt von der Länge P der Kette (P = Anzahl der Gene pro Kette) und der Anzahl N verschiedener, für die Bildung einer Kette mit cooperativer Nucleotid- und Genfolge geeigneter, verfügbarer und mit gleichen Chancen konkurrierender Gene ab:

$$W_P = N^{-P} \qquad \text{(Gleichung 5)}$$

Die Anzahl N von für die Entwicklung von Lebewesen geeigneten Genen ist identisch mit der Anzahl der am Aufbau von Lebewesen beteiligten verschiedenen Proteine. Die Länge P ist die Mindestanzahl Gene, die sich zu einem neuen DNS-Kettenstück zusammenfinden müssen, damit ein neuartiges Lebewesen oder eine Zwischenstufe mit einer selektiv testbaren neuen Eigenschaft oder Eigenschaftskombination entstehen kann. Wenn man sich an verfügbaren Fakten orientiert und für das uns bekannte Leben N = ca. 10^4 bis 10^5 und für P > = 300 einsetzt, ist die Wahrscheinlichkeit der nicht-gesteuerten Entstehung eines DNS-Kettenstücks mit 300 cooperativen Genen (Bakterien haben bereits ein Genom mit P = 2000 Genen):

$$W_{P=300} = (10^4)^{-300} \text{ bis } W_{P=300} = (10^5)^{-300} \qquad \text{(Gleichung 6)}$$

$$W_{P=300} = 10^{-1200} \text{ bis } W_{P=300} = 10^{-1500} \qquad \text{(Gleichung 7)}$$

Das bedeutet, daß DNS-Makromoleküle, wie sie die lebende Zelle als Informationsspeicher benötigt, nicht von selbst (ungesteuert) entstehen können. Oder positiv ausgedrückt: Der Entstehung von Leben oder neuen Klassen von Lebewesen liegt eine nicht-statistische, d. h. intelligent geplante und gesteuerte DNS-Synthese zugrunde. Ich bin daher mit F. Schmidt *[46]* der Meinung, daß Bio-Evolution nur als Kybernetische Evolution gedacht werden kann, bin aber in Gegensatz zu F. Schmidt überzeugt, daß jede Steuerung den Steuermann, hier: den intelligenten Planer und Konstrukteur erfordert.

Das läuft, wie man sieht, auf einen Gottesbeweis gemäß dem fünften Wege zu Gott des Heiligen Thomas von Aquin hinaus, der von der Weltordnung ausgeht.

Diese Art der Argumentation, die der menschlichen Alltagserfahrung entspringt, wonach Kunstwerke und technische Anlagen oder Geräte nicht von selbst entstehen, sondern allesamt Resultat schöpferischer Phantasie und sorgfältiger Planung und Konstruktion sind, hat ihre Überzeugungskraft in den letzten 500 Jahren um so mehr verloren, je

mehr Naturgeheimnisse wissenschaftlich aufgeklärt, je größer und zahlreicher die Bereiche des Kosmos wurden, deren Strukturen sich reversibel von selbst wieder aufbauen, sooft sie zerstört werden. Das hat zu der irrigen Meinung verleitet, daß *alle* Strukturen durch Selbstorganisation entstehen konnten.

Die Natur ist indessen nicht so einfach, wie wir sie gern hätten, damit sie mit möglichst wenigen Theorien, besser noch mit *einer* vollständigen Theorie, beschrieben werden kann. Es gibt Strukturen, die von selbst entstehen und solche, wie die Lebewesen, die nicht von selbst entstehen, solche, die man gut versteht und solche, die für uns geheimnisvoll bleiben. Wenn nicht alles täuscht, führt der Weg der Forschung gerade nicht zu der großen einheitlichen Theorie, von der einige Physiker träumen *[47]*, sondern zu immer neuen Wissenslücken, die sich mit fortschreitender Erforschung immer noch deutlicher als unerforschlich erweisen. Gottes Plan wird uns für immer verborgen bleiben, aber wir können erkennen, daß Gott plant, und nicht würfelt.[#8]

#8 "Gott würfelt nicht" ist ein berühmt gewordener Ausspruch Albert Einsteins, den er getan haben soll, um seine Abneigung gegen die Quantenmechanik zum Ausdruck zu bringen. *[48]*

Literatur

1 H. Haken: Erfolgsgeheimnisse der Natur, Deutsche Verlagsanstalt, Stuttgart 1981

2 M. Eigen, W. Gardiner, P. Schuster, R. Winkler-Oswatitsch: Ursprung der genetischen Information, Spektrum der Wissenschaft, Juni 1981, S. 37 - 56
H. Kuhn, J. Waser: Angewandte Chemie Bd. 93, S. 495 - 515 (1981)

3 Ch. Darwin: Die Entstehung der Arten durch natürliche Zuchtwahl, Reclam, Stuttgart 1981
E. Mayr: Die Entwicklung der biologischen Gedankenwelt, Springer Verlag, Berlin 1984

4 R. Riedl: Strategie der Genesis, Piper Verlag, München 1977

5 K. Popper: "Ausgangspunkte", S. 244 und 248, Hamburg 1979

6 O. Avery, M. McCarty, C. McLeod: J. Exp. Med. Bd. 79, S. 137 (1944)

7 A. K. Kleinschmidt et al.: Biochim. Biophys. Acta (Amst.) Bd. 61, S. 857 (1962)

8 B. Vollmert: Grundriß der makromolekularen Chemie, Bd. 2, S. 130 und 149, E. VOLLMERT Verlag, Karlsruhe 1989

9 B. Vollmert: Grundriß Bd. 2, S. 121 und 122

10 J. D. Watson, F. H. C. Crick: Nature (London) Bd. 171, S. 737 (1953)
J. D. Watson: Molecular Biology of the Gene, S. 267, A. Benjamin, New York 1965

11 A. Kornberg: Ang. Chemie Bd. 72, S. 231 und 236 (1960)

12 J. Tomizawa, T. Ogawa: Cold Spring Harbor Symposia Q. B. Bd. 33, S. 533 (1968)

13 B. Vollmert: Das Molekül und das Leben, Rowohlt Verlag, Reinbek 1985

14 P. Karlson: Biochemie, Georg Thieme Verlag, Stuttgart 1974, S. 274 und 221

15 M. Eigen: natur Bd. 3, S. 68 - 78, März 1983

16 I. Rechenberg: Evolutionsstrategie, Verlag Frommann, Stuttgart 1973

17 S. L. Miller: Science Bd. 117, S. 528 (1953)

18 K. Dose, H. Rauchfuß: Chemische Evolution und Ursprung lebender System, Wiss. Verlagsgesellschaft, Stuttgart 1975

19 R. Riedl: Strategie der Genesis, Piper Verlag, München 1977
W. Frese: selecta 26 v. 30. 6. 80 (nach einem Vortrag von M. Eigen)
M. Eigen et al.: Spektrum der Wissenschaft, Juni 1981, S. 37 - 56

20 K. Dose: Nachr. Chem. Techn. Lab. Bd. 31, S. 981 (1983)
21 R. Shapiro: Origins, Summit Books, New York 1986
22 F. Hoyle: Bild der Wissenschaft Bd. 1, S. 39 - 54 (1982)
F. H. Crick: Bild der Wissenschaft Bd. 4, S. 119 - 127 (1983)
23 J. Ziman: Wie zuverlässig ist wissenschaftliche Erkenntnis?, Friedrich Vieweg & Co., Braunschweig 1984
24 C. Bresch: Zwischenstufe Leben, Piper Verlag, München 1977
25 F. Cramer: Die Evolution frißt ihre Kinder, Universitas Bd. 41, S. 1149 - 56 (1986)
26 E. Benz: Theologie der Evolution im 19. Jahrhundert in G. Mann (Hrsg.): Biologismus im 19. Jahrhundert, Ferd. Enke Verlag, Stuttgart 1973
27 St. Weinberg: Die ersten drei Minuten, Piper Verlag, München 1979
28 G. Vollmer: Was können wir wissen? Die Natur der Erkenntnis, S. Hirzel Verlag, Stuttgart 1985
29 G. Osche: Diskussionsbemerkung, Berchtesgadener Internisten-symposium 22. - 25. Okt. 1987
30 R. Wandtner: Frankfurter Allgemeine Zeitung vom 22. 7. 1987
31 Susumo-Ohno: Evolution by Gene Duplication, Springer Verlag, Berlin 1970
32 K. P. Sauer: Internat. Symposium in Heidelberg 15. - 17. 7. 1987
33 E. Mayr: Evolution und die Vielfalt des Lebens, Springer Verlag, Heidelberg 1979
34 B. Vollmert: Grundriß der Makromolekularen Chemie, Bd. 2, E. VOLLMERT Verlag, Karlsruhe 1989
35 J. Monod: Zufall und Notwendigkeit, Piper Verlag, München 1973
36 M. Eigen, W. Gardiner, P. Schuster, R. Winkler-Oswatitsch: Ursprung der genetischen Information, Spektrum der Wissenschaft, Juni 1981, S. 37 - 56
37 E. Mayr: "Kein Zufall", DIE ZEIT Bd. 46, vom 9. 11. 1984
38 W. Stegmüller: Hauptströmungen der Gegenwartsphilosophie Bd. 2, Stuttgart 1975
39 R. Lohrmann, L. E. Orgel: J. Mol. Evol. Bd. 7, S. 253 - 267 (1976)
40 H. L. Sleeper, R. Lohrmann, L. E. Orgel: J. Mol. Evol. Bd. 13, S. 213 (1979)
41 J. W. Huff, K. S. Sastry, M. P. Gordon, W. Wacker: Biochemistry Bd. 3, S. 501 (1964)
42 P. Teilhard de Chardin: Der Mensch im Kosmos (1940), Die Zukunft des Menschen (1959)

43 R. Spaemann, P. Koslowski, R. Löw: Evolutionstheorie und menschliches Selbstverständnis, Civitas Resultate 6, Acta Humaniora, Weinheim 1985
R. Spaemann, R. Löw: Evolutionismus und Christentum, Acta Humaniora, Weinheim 1986
44 R. Löw: Evolutionismus und Wirklichkeit in "Schöpfung" Hrsg.: E. Spath, Verlag Berufe der Kirche, Freiburg 1988
45 B. Vollmert: Grundriß der Makromolekularen Chemie Bd. 1, Karlsruhe 1989
46 F. Schmidt: Grundlagen der Kybernetischen Evolution, Goecke & Evers Verlag, Krefeld 1984
47 S. W. Hawking: Eine kurze Geschichte der Zeit, Rowohlt Verlag, Reinbek 1988
48 Albert Einstein, Max Born: Briefwechsel

VERLAGSPROGRAMM

In der **Schriftenreihe der GUSTAV-SIEWERTH-AKADEMIE** sind bisher erschienen:

Band 2: *Alma von Stockhausen:* Philosophische Anmerkungen zur jungfräulichen Gottesmutterschaft Mariens; ^{4}1990, 52 S., ISBN 3-928273-02-7

Band 3: *Alma von Stockhausen:* Der Geist im Widerspruch - Von Luther zu Hegel; ^{2}1990, 112 S., ISBN 3-928273-03-5

Band 4: *Hans Lubsczyk:* Die Bundesurkunde - Ursprung und Wirkungsgeschichte des Deuteronomiums; ^{1}1991, 112 S., ISBN 3-928273-04-3

Band 5: *Bruno Vollmert:* Die Entstehung von Lebewesen in naturwissenschaftlicher Sicht - Darwins Lehre im Lichte der Makromolekularen Chemie; ^{1}1995, 84 S., 18 Abb., ISBN 3-928273-05-1

Band 6: *Leo Scheffczyk:* Die heile Schöpfung und das Seufzen der Kreatur; ^{1}1992, 132 S., ISBN 3-928273-06-X

Band 7: *Horst Seidl:* Sittengesetz und Freiheit. Erörterungen zur Allgemeinen Ethik; ^{1}1992, 374 S., ISBN 3-928273-07-8

Band 8: *Ermanno Pavesi:* Eugen Drewermanns "Kleriker. Psychogramm eines Ideals" und die tiefenpsychologische Religionskritik; ^{1}1992, 88 S., ISBN 3-928273-08-6

Band 9: *Berthold Wald:* Person und Handlung bei Martin Luther; ^{1}1993, 182 S., ISBN 3-928273-09-4

Band 10: *Horst W. Beck:* Christlicher Schöpfungsglaube im Kontext heutiger Wissenschaft; ^{1}1993, 108 S., ISBN 3-928273-10-8

Band 11: *Giovanni B. Sala:* Kant über die menschliche Vernunft. Die Kritik der reinen Vernunft und die Erkennbarkeit Gottes durch die praktische Vernunft; ^{1}1993, 136 S., ISBN 3-928273-11-6

In Vorbereitung:

Band 12: *Hans-Joachim Schulz, Alma v. Stockhausen:* Der apostolische Charakter der Evangelien - Authentische Christusverkündigung und bleibende Glaubensnorm; ^{1}1995, ca. 350 S.

Weitere Bände folgen.

Darüber hinaus sind erschienen:

Horst Seidl: Dein Wort, o Gott, uns spendet Leben - Kleine Gedichtsammlung (3). Mit kulturphilosophischen Aufsätzen; [1]1994, 92 S., 11 Abb., ISBN 3-928273-95-7

Horst W. Beck: Biblische Universalität und Wissenschaft - Grundriß Interdisziplinärer Theologie; [2]1994, 788 S., 27 Abb., ISBN 3-928273-96-5

Horst Seidl: Dein Angesicht, Herr, will ich suchen - Kleine Gedichtsammlung 2. Mit kunstphilosophischen Aufsätzen; [1]1993, 120 S., 10 Abb., ISBN 3-928273-97-3

Remigius Bäumer, Alma v. Stockhausen (Hrsg.): Luther und die Folgen für die Geistesgeschichte - Festschrift für Theobald Beer; [1]1992, 220 S., ISBN 3-928273-98-1

Horst Seidl: Aus Liebe hat der Herr die Welt gemacht - Kleine Gedichtsammlung. Mit einigen Bemerkungen zum Wesen der Kunst; [1]1992, 116 S., 20 Abb., ISBN 3-928273-99-X

Remigius Bäumer, Alma v. Stockhausen (Hrsg.): Verabschiedung oder naturphilosophische Weiterführung der Metaphysik? - 1990, 432 S., ISBN 3-631-43176-7

Dieser Band enthält 32 Beiträge von Professoren der GUSTAV-SIEWERTH-AKADEMIE; er ist als **Festschrift der GUSTAV-SIEWERTH-AKADEMIE** anläßlich ihrer Eröffnung als staatlich anerkannte Wissenschaftliche Hochschule erschienen.

Bestellungen sind zu richten an:

Hochschulverlag der GUSTAV-SIEWERTH-AKADEMIE,
Oberbierbronnen 1, D-79809 Weilheim-Bierbronnen

Bankverbindung: Volksbank Hochrhein Waldshut
(BLZ 684 922 00) Kto-Nr. 21 204 61

Die GUSTAV-SIEWERTH-AKADEMIE ist eine staatlich anerkannte ***Wissenschaftliche Hochschule*** in privater Trägerschaft.

Aufgaben und Ziele der GUSTAV-SIEWERTH-AKADEMIE sind:

a) Die Vermittlung der abendländischen Wertvorstellungen, die aus der Durchdringung von griechischer Metaphysik und christlichem Offenbarungsgut als Voraussetzung von Naturwissenschaft und Technik entstanden sind;

b) Die Erarbeitung einer christlichen Anthropologie und Gesellschaftslehre in Auseinandersetzung mit den Ergebnissen der modernen Natur- und Sozialwissenschaften;

c) Die Kritik der nihilistischen Züge des Zeitgeistes.

Studienmöglichkeiten an der GUSTAV-SIEWERTH-AKADEMIE sind:

a) Ein achtsemestriges (Regelstudienzeit), staatlich anerkanntes *Hochschulstudium* in den Fächern Philosophie, Philosophie der Naturwissenschaften, Soziologie und Journalistik;

b) *Hochschultagungen*, bei denen entweder neuere Forschungsergebnisse oder allgemein interessierende Zeitfragen unter fächerübergreifenden Gesichtspunkten zur Diskussion gestellt werden;

c) *Theologische Ferienkurse* als Ergänzung zum Theologiestudium bzw. ganz allgemein zur Vermittlung eines christlichen Grundwissens.

Der Studienplan sieht neben der Erarbeitung der grundlegenden Klassik die Auseinandersetzung mit dem Marxismus/Neo-marxismus, dem Darwinismus/Neodarwinismus und dem Existentialismus auf Grund neuester Forschungsergebnisse der Natur- und Geisteswissenschaften vor.

Dabei geht es um die Erarbeitung eines christlichen Menschenbildes, das den Erfordernissen einer durch die naturwissenschaftliche Technik bestimmten Zeit gewachsen ist. - Grundfragen der Ethik wie die Ausarbeitung der notwendigen, den Staat tragenden Grundwerte, bilden ein weiteres Arbeitsfeld der Akademiearbeit.

Die Vermittlung der aus der theoretischen Behandlung von Philosophie und Soziologie gewonnenen Einsichten an die Öffentlichkeit wird im Fach Journalistik praktisch eingeübt. Hier geschieht auch eine philosophische Einordnung des Zeitgeschehens, die ihrerseits der Anbindung der Journalistik an die ethischen Grundlagen aller Kommunikation bedarf.

Abschlüsse: Die interdisziplinär aufgebaute Semesterthematik führt in den genannten Fächern zur *Zwischenprüfung* und zum *Magisterexamen*.

Das Magisterexamen berechtigt auf Grund der staatlichen Anerkennung entweder zum *Weiterstudium* an einer anderen Universität, bzw. bildet die Grundlage für eine akademische *Berufsausübung*.

Die Berufsbezogenheit der Studiengänge ergibt sich folgendermaßen:

a) Das naturphilosophische Studium mit seiner Ausrichtung auf die sozialen Erfordernisse der Zeit dient der Vertiefung und Integration aller ein-

zelwissenschaftlichen Aspekte, sofern sie für wirtschaftliche und politische Führungs- und Lehrkräfte von Bedeutung sind.

b) Eine naturphilosophische und soziologische Ausbildung, die auf die Erarbeitung einer christlichen Anthropologie abzielt, ist für alle gesellschaftspolitischen oder sozialen Tätigkeiten von entscheidender Wichtigkeit.

c) Ähnliches gilt für die Priesteramtskandidaten, die an einer durch naturphilosophische Reflexion gestärkten christlichen Anthropologie als Grundlage für die Auseinandersetzung mit der modernen Theologie interessiert sind.

d) Das Interdisziplinär aufgebaute Philosophie-Soziologie Studium mit der Abschlußprüfung des Magisterexamens ist auch eine ebenso bewährte wie qualifizierte Ausbildung für Journalisten und Publizisten sowie für Medien- und Kommunikationswissenschaftler.

e) Zudem empfiehlt sich das viersemestrige Grundstudium, d.h. Philosophie der Naturwissenschaften mit theologischen Ergänzungskursen, für alle Studienbewerber als sinnvolle Einführung in ihr Spezialstudium. Dasselbe gilt für Studienabsolventen, die noch keine Anstellung erhalten haben.

Vorlesungsverzeichnis, Studienberatung, Bewerbung: Das ausführliche Vorlesungsverzeichnis ist beim Sekretariat der Hochschule zu beziehen. - Nach vorheriger Terminvereinbarung ist eine gezielte Studienberatung möglich.

Folgende Unterlagen sind bei der Bewerbung vorzulegen: amtlich beglaubigte Ablichtung des Abiturzeugnisses; tabellarischer Lebenslauf mit allen Personaldaten; polizeiliches Führungszeugnis sowie zwei (aktuelle) Paßfotos.

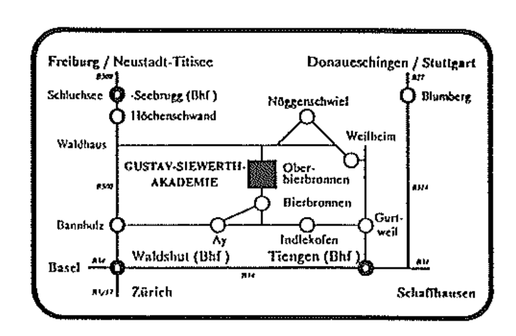
Unterkunft, Verpflegung: Unterkunft und Verpflegung erfolgt im Hause. Die monatlichen Kosten sind beim Sekretariat der Hochschule zu erfragen. - Auf die Möglichkeit der Inanspruchnahme einer Ausbildungsbeihilfe nach dem Berufs- und Ausbildungsförderungsgesetz (BAföG) wird hingewiesen.

Freundes- und Förderkreis der GUSTAV-SIEWERTH-AKADEMIE: Als Private Hochschule erhält die GUSTAV-SIEWERTH-AKADEMIE weder Mittel der öffentlichen Hand noch anderer Institutionen; da die Studiengebühren zur Deckung der Kosten nicht ausreichen, ist die Hochschule für *Spenden* von Freunden und Förderern auf das nachstehende Konto sehr dankbar. Ein Beitritt zum Freundes- und Förderkreis der GUSTAV-SIEWERTH-AKADEMIE ist durch formlosen Antrag möglich. - Die Spenden sind steuerrechtlich absetzbar.

Anschrift: **Gustav-Siewerth-Akademie**
Wissenschaftliche Hochschule
79809 Weilheim-Bierbronnen

Telefon: 07755/364

Bankverbindung: Volksbank Hochrhein Waldshut
(BLZ 684 922 00) Kto-Nr. 20 998 02



Lebewesen bestehen aus Zellen, die durch eine mehrschichtige Zellwand von ihrer Umgebung getrennt sind und zugleich auch miteinander in Verbindung stehen, und deren Inneres eine Reihe von kompliziert aufgebauten Organellen und die Gene in Form von kettenförmigen Makromolekülen enthält. Die Gene (DNS-Moleküle) sind spiralig gewundene Doppelstränge mit komplementärer Reihenfolge (Sequenz) der vier verschiedenen Kettenbestandteile A, T, C und G. Die Sequenz gleicht einer Schrift, die in ihrer Buchstabenfolge eine Anweisung (Information) enthält: die Gensequenz enthält die Anweisung für den Aufbau der die Zellen bildenden Proteine.

Ohne DNS-Makromoleküle und die in ihrer Sequenz enthaltene genetische Information ist die Entstehung von Leben und die evolutive Entwicklung der Arten undenkbar.

In dieser Schrift wird gezeigt, unter welchen Bedingungen Makromoleküle von der Art der DNS entstehen können und daß diese Bedingungen auf der frühen Erde nicht gegeben waren. Es wird ferner gezeigt, daß zur Entstehung neuer Arten und Klassen die Entstehung langer (mehr als 1000 Gene enthaltender) neuer DNS-Ketten notwendig ist und daß die Einzelschritte dieses Kettenwachstums sich nicht phänotypisch manifestieren und folglich keine Selektion auslösen können, - im Gegensatz zu Mutationen, die zu Mutantenverteilungen und damit zur Artenstabilisierung führen, nicht aber zu neuen DNS-Ketten.

Die Lehre Darwins von der Entstehung neuer Arten durch Mutation und Selektion steht damit im Widerspruch zu elementaren Aussagen der makromolekularen Chemie über die Synthesen von Makromolekülen.

BRUNO VOLLMERT studierte Chemie in Bonn, Freiburg und Karlsruhe. Seiner Promotion und Habilitation auf dem Gebiet der Makromolekularen Naturstoffe folgte eine 15-jährige Industrietätigkeit. In den Jahren 1964 - 1967 erhielt Prof. Dr. Bruno Vollmert Rufe an die Universitäten Berlin, Graz und Karlsruhe, wo er zuletzt von 1965 bis zu seiner Emeritierung im Jahre 1987 als Ordinarius und Direktor des Polymer-Instituts wirkte. - Prof. Dr. Vollmert ist u.a. Autor des Standard-Werkes "Grundriß der Makromolekularen Chemie" sowie des Buches "Das Molekül und das Leben".

ISBN 3-928273-05-1